

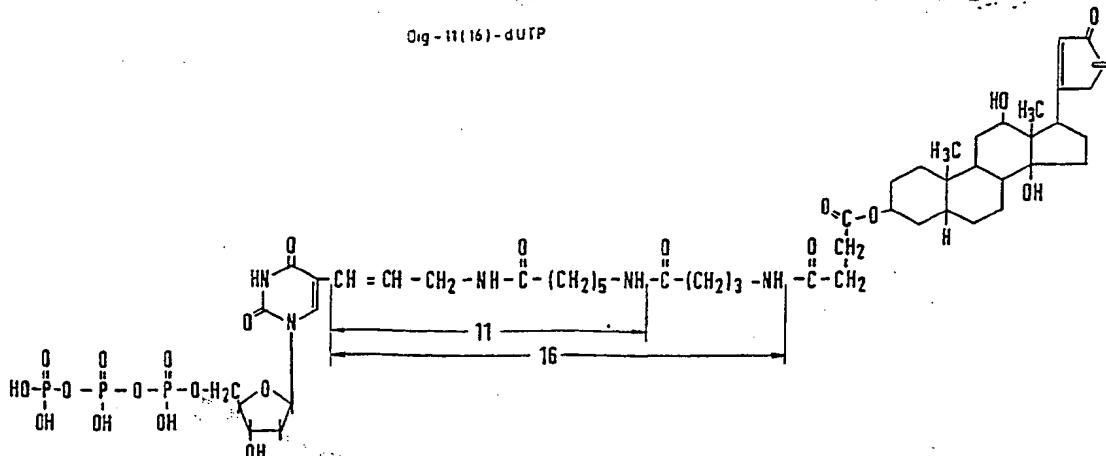
INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE  
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation <sup>4</sup> :  C12Q 1/68, C07H 21/00	A1	(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 89/06698  (43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 27. Juli 1989 (27.07.89)
(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/EP89/00026		D-3400 Göttingen (DE). KESSLER, Christop [DE/DE]; Fraunhofer Straße 12, D-8000 München 5 (DE).
(22) Internationales Anmeldedatum: 12. Januar 1989 (12.01.89)		MATTES, Ralf [DE/DE]; Friedrich-Zundel-Straße 14, D-7000 Stuttgart 75 (DE).
(31) Prioritätsaktenzeichen: P 38 00 642.1 P 38 13 278.8		(74) Anwälte: WEICKMANN, H. usw.; Möhlstraße 22, D-8000 München 80 (DE).
(32) Prioritätsdaten: 12. Januar 1988 (12.01.88) 20. April 1988 (20.04.88)		(81) Bestimmungsstaaten: JP, US.
(33) Prioritätsland: DE		Veröffentlicht <i>Mit internationalem Recherchenbericht.</i>
(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): BOEHRINGER MANNHEIM GMBH [DE/DE]; Sandhofer Straße 112-132, D-6800 Mannheim-Waldhof (DE).		
(72) Erfinder; und		
(75) Erfinder/Anmelder (nur für US) : HÖLTKE, Hans-Joachim [DE/DE]; Kirchenstraße 1, D-8132 Tutzing (DE). SEIBL, Rudolf [DE/DE]; Saalangerstraße 46, D-8122 Penzberg (DE). SCHMITZ, Gudrun [DE/DE]; Wettersteinstraße 3, D-8139 Bernried (DE). SCHÖLER, Hans, Robert [DE/DE]; Lotzestraße 40,		

## (54) Title: PROCESS FOR DETECTING NUCLEIC ACIDS

## (54) Bezeichnung: VERFAHREN ZUM NACHWEIS VON NUKLEINSÄUREN

Oig - 11(16) - DUTP



## (57) Abstract

Nucleic acids of specific sequence are detected by hybridization with a complementary nucleic acid probe linked through a chemical bond with at least one label in the form of a hapten. The hapten is a steroid linked by a bridge at least 4 atoms long to at least one position of the nucleic acid probe which is not involved in the formation of the hydrogen bridge and detects the hybridized probe by means of an antihapten antibody which is also labelled.

## (57) Zusammenfassung

Zum Nachweis von Nukleinsäuren definierter Sequenz durch Hybridisierung mit einer komplementären Nukleinsäure-Sonde, die über eine chemische Verbindung mindestens ein Hapten als Markierung gebunden enthält, verwendet man als Hapten ein Steroid, das an mindestens eine Position der Nukleinsäure-Sonde, die nicht an der Wasserstoffbrückenbildung beteiligt ist, über eine Brücke von mindestens 4 Atomen Länge gebunden ist und weist die hybridisierte Sonde über einen seinerseits markierten Anti-Hapten-Antikörper nach.

***LEDIGLICH ZUR INFORMATION***

Code, die zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AT Österreich  
AU Australien  
BB Barbados  
BE Belgien  
BG Bulgarien  
BJ Benin  
BR Brasilien  
CF Zentrale Afrikanische Republik  
CG Kongo  
CH Schweiz  
CM Kamerun  
DE Deutschland, Bundesrepublik  
DK Dänemark  
FI Finnland

FR Frankreich  
GA Gabun  
GB Vereinigtes Königreich  
HU Ungarn  
IT Italien  
JP Japan  
KP Demokratische Volksrepublik Korea  
KR Republik Korea  
LI Liechtenstein  
LK Sri Lanka  
LU Luxemburg  
MC Monaco  
MG Madagaskar  
ML Mali

MR Mauritanien  
MW Malawi  
NL Niederlande  
NO Norwegen  
RO Rumänien  
SD Sudan  
SE Schweden  
SN Senegal  
SU Soviet Union  
TD Tschad  
TG Togo  
US Vereinigte Staaten von Amerika

- 1 -

## Verfahren zum Nachweis von Nukleinsäuren

### B e s c h r e i b u n g

Die Erfindung betrifft ein Verfahren zum Nachweis von Nukleinsäuren definierter Sequenz durch Hybridisierung mit einer komplementären, markierten Nukleinsäure-Sonde.

Eine der meist angewandten molekular-biologischen Techniken ist die DNA/DNA-, RNA/RNA- bzw. RNA/DNA-Hybridisierung zum Nachweis homologer Nukleinsäure-Sequenzen. Dabei wird eine als Sonde verwendete Nukleinsäure (DNA oder RNA) markiert und mit einer meist auf einem Filter fixierten, zu untersuchenden Nukleinsäure (DNA oder RNA) unter Hybridisierungsbedingungen in Kontakt gebracht. Bei vorhandener Homologie zwischen der als Sonde verwendeten Nukleinsäuren und der nachzuweisenden Nukleinsäure kommt es sodann zur Hybridisierung der jeweils komplementären Nukleinsäure-Einzelstränge unter Ausbildung eines Hybrid-Doppelstranges. Anschließend werden die Hybride nachgewiesen. Bisher erfolgte die Markierung der Sonde meist durch Einbau radioaktiv derivatisierter Desoxyribonukleosidtriphosphate. Der Nachweis der Hybride erfolgte dann durch Autoradiographie. Solche konventionellen, radioaktiv markierten DNA-Sonden sind sehr effektiv und sensitiv, es ergeben sich jedoch durch den Umgang mit der Radioaktivität Probleme. So wird zum Umgang mit den radioaktiven Verbindungen speziell ausgebildetes Personal benötigt, da bei unsachgemäßer Handhabung eine Gefährdung der Laborsicherheit besteht. Außerdem bildet die Entsorgung der radioaktiven Verbindungen ein weiteres Problem. Zusätzlich sind die radioaktiv markierten Proben aufgrund der Halbwertzeit der verwendeten radioaktiven Materialien nur über einen gewissen Zeitraum nach der Herstellung verwendbar. Auch kann bei der Detektion von geringen Mengen von nachzuweisender DNA die nötige Belichtungszeit der Autoradiographie sehr lange, nämlich Tage bis Wochen sein.

**ERSATZBLATT**

- 2 -

Neben den radioaktiv markierten Systemen zum Nachweis von Nukleinsäuren sind nicht-radioaktive Methoden bekannt, wobei die verwendeten Nukleinsäure-Proben mit Biotin-Molekülen (US-PS 2 915 082, EP-A 0063879) Digoxin-/T3-/T4-Molekülen (EP-A-0 173251) oder mit Alkyl-/Butyl-/Ethyl-/Sulfonsäure-/Nitrosomolekülen (EP-A 128018) modifiziert sind. Der Einbau dieser niedermolekularen Nachweismoleküle in die komplementäre Nukleinsäure-Sonde erfolgt dabei chemisch, photochemisch oder enzymatisch. Sodann erfolgt die Hybridisierung mit der nachzuweisenden Nukleinsäuresequenz. Der Nachweis der Hybride erfolgt dann über Bindung des niedermolekularen Moleküls durch ein (Strept)-Avidin-Markerenzym-Konjugat im Fall von Biotin, Antidigoxin/-T3/-T4-Antikörper-Markerenzym-Konjugate im Fall von Digoxin-/T3-/T4-Molekülen oder über Anti-Alkyl-/Butyl-/Ethyl-/Sulfon-säure/-Nitroso-Antikörper-Markerenzym-Konjugate. Der Nachweis des Hybridisierungsproduktes erfolgt durch die Bestimmung der enzymatischen Aktivität des Markerenzyms über gekoppelte Farbstoffsysteme. Bei der Methode der EP-A-0 173 251 erfolgt jedoch die Bindung der Digoxin-/T3-/T4-Moleküle an ein an der Wasserstoffbrückenbindung beteiligtes N-Atom einer oder mehrerer Basen der Nukleinsäuresonde, wodurch die Hybridisierung - vor allem bei Mehrfachmodifizierung der Sonde - mit der nachzuweisenden Nukleinsäure beeinträchtigt sein kann. Mit Ausnahme des Biotin/(Strept)-Avidin-System ist die Sensitivität der derzeit bekannten, nicht-radioaktiven Systeme, im Vergleich mit radioaktiven Systemen, jedoch um mindestens den Faktor 10 bis 100 vermindert. Die bisher einmalig hohe Sensitivität des nicht-radioaktiven Nachweises auf Biotin/(Strept)-Avidin-Basis ist auf die hohe Bindungskonstante ( $K = 10^{15} \text{ Mol}^{-1}$ ) speziell des Biotin/(Strept)-

Avidin-Systems zurückzuführen (Lit. Kinow; Proc. Natl. Acad. Sci. USA 80 (1983) 4045). Die maximal erreichbare Sensitivität des Biotin/(Strept)-Avidin-Systems liegt wie auch bei radioaktiver Markierung im Nachweis von 1 pg bis 0,1 pg DNA im Dot-Blot, und im Nachweis von "single-copy" Genen, das heißt von nur einmal im Genom vorkommenden Genen, im genomischen Blot bei Verwendung von 10 bis 1  $\mu$ g genetischer DNA-Fragmente. Die Ausnutzung der Biotin/(Strept)-Avidin-Wechselwirkung hat jedoch den entscheidenden Nachteil, daß sie sehr störanfällig ist, da das Vitamin Biotin in nahezu allen biologischen Materialien vorkommt (Biochem. Biophys. Acta 29 (1985) 225; Biochem. Biophys. Acta 41 (1960) 122).

Die Aufgabe der Erfindung bestand daher darin, ein Verfahren zum Nachweis von Nukleinsäuren bereitzustellen, das die Verwendung einer nicht radioaktiven Markierung erlaubt und weniger störanfällig als die Biotin/-(Strept)-Avidin-Wechselwirkung ist, andererseits jedoch die bisher einzigartig hohe Nachweis-Sensitivität der radioaktiven Markierung bzw. der Biotin/(Strept)-Avidin-Markierung erreicht.

Diese Aufgabe wird erfindungsgemäß gelöst durch ein Verfahren zum Nachweis von Nukleinsäuren definierter Sequenz durch Hybridisierung mit einer komplementären Nukleinsäuresonde, die über eine chemische Verbindung mindestens ein Hapten als Markierung gebunden enthält, welches dadurch gekennzeichnet ist, daß man als Hapten ein Steroid verwendet, das an mindestens eine Position der Nukleinsäure, die nicht an der Wasserstoffbrückenbildung beteiligt ist, über eine Brücke von mindestens 4 Atomen Länge gebunden ist und die hybridisierte Probe über einen seinerseits markierten Anti-Hapten-Antikörper nachweist.

Bevorzugt werden hierbei als Steroid Digoxigenin oder Digoxin verwendet.

Das erfindungsgemäße Verfahren ermöglicht den Nachweis von 0,5 pg bis 0,05 pg homologer DNA im Dot-Blot und von "single copy"-Genen in 5 µg bis 0,5 µg genomischen DNA-Fragmenten. In beiden Nachweisarten ist die Nachweissensitivität mindestens analog der Nachweissensitivität des Biotin/(Strept)-Avidin-Systems. Dies ist insofern überraschend, da die Bindungskonstante der Biotin/(Strept)-Avidin-Wechselwirkung ( $K = 10^{15} \text{ Mol}^{-1}$ , Green, N.M. (1975) *Adv. Protein Chem.* 29, 85-133; Chaiet, L., Wolf, F.J. (1964) *Arch. Biochem. Biophys.* 106, 1-5) um mindestens den Faktor  $10^5$  höher ist als die Wechselwirkung von Digoxigenin oder Digoxin mit dem entsprechenden Antikörper ( $K=2 \times 10^8 \text{ Mol}^{-1}$  -  $7 \times 10^9 \text{ Mol}^{-1}$ , Hunter et al., *J. Immunol.* Vol. 129, Nr. 3 (1982) 1165), und zusätzlich die Biotin/(Strept)-Avidin-Wechselwirkung durch das Vorhandensein von 4 Biotin-Bindungsstellen auf (Strept)-Avidin begünstigt ist.

Ein weiterer überraschender technischer Vorteil ist, daß bei Verwendung von Digoxigenin oder Digoxin und den dazugehörigen Antikörpern sehr viel weniger unspezifische Bindung (background) an den Filter, auf welchem die nachzuweisende Nukleinsäure fixiert ist, entsteht, als bei Verwendung von Biotin/(Strept)-Avidin.

Die Durchführung des erfindungsgemäßen Verfahrens zum Nachweis von Nukleinsäuren läßt sich in drei Schritte aufgliedern.

1. Die Derivatisierung der als Nachweisreagenz dienenden Nukleinsäure-Probe mit dem Hapten,

2. die Hybridisierung, und
3. die Detektion der Hybride.

Zur Derivatisierung von Nukleinsäuren (DNA und RNA) können verschiedene Methoden angewendet werden (Molecular Cloning, Maniatis et al., (1982) Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, New York). Der Einbau des Haptens kann hierbei enzymatisch, chemisch oder photochemisch erfolgen.

In der "Random-primed" Methode (Anal. Biochem. 132 (1983) 6) werden doppelsträngige Desoxyribonukleinsäure-Sonden zunächst denaturiert, d.h. die beiden Stränge werden durch Erhitzen getrennt und dadurch in Nuklein-säure-Einzelstränge überführt. Bei einzelsträngigen Desoxyribonukleinsäuresonden entfällt die Denaturierung. An die Desoxyribonukleinsäure-Einzelstränge werden sogenannte "Random Primer", das sind beliebige kurze Oligo-Desoxyribonukleotide mit unterschiedlichen Sequenzen, die mit komplementären Sequenzabschnitten der Einzelstrang-DNA hybridisieren, gebunden. Anschließend wird ausgehend von den 3'-OH-Enden der "Random Primern" durch Einwirkung des Enzyms Klenow Polymerase oder anderer DNA-Polymerasen (z.B. Phage T4 oder T7-kodiert oder aus *Thermus aquaticus*) der zum Einzelstrang komplementäre Strang synthetisiert. Dabei werden die als Substrat angebotenen vier Desoxyribonukleosidtriphosphat-Arten eingebaut. Bis zu vier dieser Triphosphat-Arten sind teilweise oder gänzlich durch Kopplung eines Steroids über eine Brücke derivatisiert, so daß bei der Desoxyribonukleinsäure-Synthese dieses Steroid miteingebaut wird. Ein bevorzugtes, Steroid-derivatisiertes Nukleosidtriphosphat ist in der Fig. 1 mit zwei verschiedenen bevorzugten Brückenkettenlängen dargestellt.

- 6 -

In der "Specific-primed" Methode werden anstelle von "Random Primern", also kurzen Oligo-Desoxyribonukleotiden mit unterschiedlichsten Sequenzen, "Specific Primer", also Oligo-Desoxyribonukleotide mit spezifischen Sequenzen, verwendet. Diese spezifischen Primer binden einheitlich nur an den komplementären Sequenzabschnitt der Einzelstrang-DNA. Die Synthese des komplementären Stranges wird im Gegensatz zur "Random-primer"-Methode nur von diesem bestimmten Sequenzabschnitt gestartet. Es werden die als Substrat angebotenen vier Desoxyribonukleosidtriphosphat-Arten eingebaut. Bis zu vier dieser Triphosphat-Arten sind teilweise oder gänzlich durch Kopplung eines Steroids über eine Brücke derivatisiert, so daß bei der Desoxyribonukleinsäure-Synthese dieses Steroid mit eingebaut wird.

Bei der "Reversen Transkriptions" Methode (Efstratiadis, A.F.C., Villa-Komaroff, L. (1979) Genetic Engeneering (Stelow, J.K. and Hollaender, A., eds.) Plenum Press, New York and London, Vol. 1, pp. 1) werden einzelsträngige Ribonukleinsäure-Sonden oder doppelsträngige Ribonukleinsäure-Sonden nach Denaturierung, d.h. Überführung in Einzelstränge, retrotranskribiert, d.h. die entsprechende Desoxyribonukleinsäure gebildet. Hierzu werden an die einzelsträngigen Ribonukleinsäure-Sonden Oligo-Desoxyribonukleotide, die "Primer", an den komplementären Sequenzabschnitt gebunden. Anschließend wird, ausgehend von dem 3'-OH-Ende des gebundenen "Primers" durch Einwirkung des Enzyms Reverse Transkriptase der zum RNA-Einzelstrang komplementäre DNA-Strang synthetisiert. Als Reverse Transkriptasen werden z.B. Virus AMV oder Mo-MLV kodierte Enzyme verwendet. Bei der DNA-Strangsynthese werden die als Substrat angebotenen vier Desoxyribonukleosidtriphosphat-Arten eingebaut. Bis zu vier dieser Triphosphat-Arten sind teilweise oder gänzlich durch Kopplung eines Steroids über eine Brücke derivatisiert, so daß bei der DNA-Synthese dieses Steroid mit eingebaut wird.

## ERSATZBLATT

In der "Fill-in" Methode werden doppelsträngige Desoxyribonukleinsäure-Sonden mit 5'-überhängenden Einzelstrang-Enden derivatisiert. Dazu werden mit dem Enzym Klenow Polymerase oder anderer DNA-Polymerasen (z.B. Phage T4- oder T7- codiert) die 3'-OH Enden des nicht-überstehenden Einzelstrangs komplementär zu der 5'-überhängenden Einzelstrang-Sequenz verlängert. Dabei werden, je nach Sequenz des 5'-überhängenden Einzelstrang-Bereichs, bis zu vier der angebotenen Desoxyribonukleosidtriphosphat-Arten eingebaut. Bis zu vier dieser Triphosphat-Arten sind wiederum teilweise oder gänzlich durch Kopplung eines Steroids über eine Brücke derivatisiert, so daß bei dem Einbau der Nukleotide dieses Steroid mit eingebaut wird.

In der "Nick-Translation" Methode (J. Mol. Biol. 113 (1977) 237) werden doppelsträngige Desoxyribonukleinsäure-Sonden gleichzeitig mit dem Enzym E. coli DNA Polymerase I sowie einer kleinen Menge des Enzyms DNase I in Anwesenheit der als Substrat dienenden vier Desoxyribonukleosidtriphosphate inkubiert. Durch das Enzym DNase I werden Einzelstrang-Brüche, die sogenannten "nicks", erzeugt. Dadurch entstehen 5'- und 3'-Enden innerhalb des gebrochenen Einzelstranges. Durch das Enzym E. coli DNA Polymerase I werden anschließend an den internen Einzelstrang-Brüchen die 5'-endständigen Desoxyribonukleoside abgebaut, gleichzeitig jedoch an das benachbarte freie 3'-OH-Ende eines der als Substrat angebotenen Desoxyribonukleotid-Arten eingebaut. Durch wiederholtes Ablaufen des gleichzeitigen Ab- und Neu-Einbaus eines Nukleotids wandert der Einzelstrang-Bruch in Richtung 3'-Ende. Bis zu vier der als Substrat angebotenen Triphosphat-Arten sind wiederum teilweise oder gänzlich durch Kopplung eines Steroids über eine Brücke derivatisiert, so daß beim Neueinbau der Nukleotide dieses Steroid mit eingebaut wird.

**ERSATZBLATT**

In der "Tailing" Methode wird an 3'-OH-Enden von doppel- oder einzelsträngigen Desoxyribo- oder Ribonukleinsäure-Sonden mit dem Enzym Terminale Transferase in Anwesenheit mindestens einer Art der als Substrat dienenden Desoxyribonukleosidtriphosphate, Dideoxyribonukleosidtriphosphate oder Ribonukleosidtriphosphate mindestens eines dieser Nukleotide angehängt. Die verwendete Art der Triphosphate ist wiederum teilweise oder gänzlich durch Kopplung eines Steroids über eine Brücke derivatisiert, so daß bei dem Einbau der Nukleotide dieses Steroid mit eingebaut wird.

Bei der Phagen-RNA-Polymerase-katalysierten "Transkriptions"-Methode (J. Mol. Biol. 166 (1983) 477) wird während der Desoxyribonukleinsäure-abhängigen Ribonukleinsäure-Synthese die gebildete Ribonukleinsäure derivatisiert. Als Phagen-codierte RNA-Polymerasen werden z.B. Phage SP6-, T7- oder T3-codierte Enzyme verwendet. Für diese Methode werden doppelsträngige Desoxyribonukleinsäuren verwendet, die z.B. SP6-, T7- oder T3-Promotoren enthalten. Durch Zugabe von z.B. SP6-, T7- oder T3-RNA Polymerase und aller vier Arten der Ribonukleosid-Triphosphate wird, ausgehend vom homologen Promotor, der zur codogenen Desoxyribonukleinsäure komplementäre Ribonukleinsäure-Strang, das Transkript, gebildet. Dabei werden die als Substrat angebotenen Ribonukleosidtriphosphat-Arten eingebaut. Bis zu vier dieser Triphosphat-Arten sind teilweise oder gänzlich durch Kopplung eines Steroids über eine Brücke derivatisiert, so daß bei der Ribonukleinsäure-Synthese dieses Steroid mit eingebaut wird.

In der "photochemischen" Methode (Nucl. Acids Res. 13 (1985) 745-761) wird die Nukleinsäure-Sonde in Gegenwart von Photo-Digoxigenin (Fig. 2) mit sichtbarem Licht mit UV-Anteil bestrahlt. Unter Abspaltung von Stickstoff ( $N_2$ ) entsteht ein Nitrenradikal, das kovalent an die Nukleinsäure bindet.

Für die "chemische" Methode werden im Rahmen der Oligo-Desoxyribonukleotidsynthese nach der Phosphit-Triester-Methode neben den geschützten Nukleosid-phosphoramiditen (dA/dG/dC/dT) geschützte, mit substituierbaren Aminofunktionen modifizierte Nukleosid-phosphoramidite (dA/dG/dC/dU) zum gezielten Einbau in den Oligo-Desoxyribonukleotid-Einzelstrang verwendet. Die Modifizierung von dC/dU geschieht bevorzugt in Position 5 des Pyrimidin-Ringes, die von dA/dG bevorzugt an Position 8 des Purinmoleküls.

Nach Abschluß der Synthesezyklen und Entfernung der Schutzgruppen resultieren einzelsträngige, an den Nukleobasen mit substituierbaren Aminofunktionen modifizierte Oligo-Desoxyribonukleotide, die mit geeigneten Hapteten markierbar sind. Solche Haptene sind Steroide, bevorzugt Digoxigenin, Digoxin, d.h. die Markierung geschieht durch Umsetzung des Oligo-Desoxyribonukleotides mit den entsprechenden aktivierten Estern, Amiden oder Ethern der Haptene, vorzugsweise ihren N-hydroxy-succinimidestern.

In einer bevorzugten Ausführungsform der Erfindung wird eine Nukleinsäure-Sonde verwendet, deren Hapten in die Nukleinsäure-Sonde enzymatisch mit Hilfe von DNA-Polymerasen, RNA-Polymerasen, Reversen Transkriptasen oder Terminalen Transferasen und entsprechenden Hapten-modifizierten Desoxy- oder Ribonukleosidtriphosphat-Substraten eingebaut wurde.

In einer weiteren bevorzugten Ausführungsform der Erfindung wird eine Nukleinsäure-Sonde verwendet, deren Hapten in die Nukleinsäure-Sonde photochemisch mit Hilfe von Photo-Hapten eingebaut wurde und in einer dritten bevorzugten Ausführungsform wird eine

- 10 -

Nukleinsäure-Sonde verwendet, deren Hapten in die Nukleinsäure-Sonde chemisch im Rahmen der Oligo-Desoxyribonukleotid-Synthese durch Einbau geschützter, mit substituierbaren Aminofunktionen modifizierter Nukleosidphosphoamidite und - nach Entfernung der Schutzgruppen - durch Umsetzung des modifizierten Oligo-Desoxyribonukleotids mit aktivierten Estern der Haptene eingebaut wurde.

Die über eine der beschriebenen Methoden hergestellte, mit einem Steroid derivatisierte Nukleinsäure-Sonde wird mit einer an einen Träger gebundenen denaturierten DNA oder RNA in Kontakt gebracht und hierbei die Temperatur, Ionenstärken, pH-Wert und sonstige Pufferbedingungen - abhängig von der Länge der Nukleinsäureprobe und der daraus resultierenden Schmelztemperatur des zu erwartenden Hybrids - so gewählt, daß die markierte DNA oder RNA an homologe DNA oder RNA binden kann (Hybridisierung) (J. Mol. Biol. 98 (1975) 503; Proc. Natl. Acad. Sci. USA 76 (1979) 3683). Als Träger geeignet sind Membranen oder Trägermaterialien auf Basis Nitrozellulose (z.B. Schleicher und Schüll BA85; Amersham Hybond C), verstärkte oder gebundene pulverförmige Nitrocellulose oder mit verschiedenen funktionellen Gruppen (z.B. Nitro-) derivatisierte Nylonmembranen (z.B. Schleicher und Schüll Nytran, NEN Gene Screen, Amersham Hybond N, Pall Biodyne).

Die Detektion von hybridisierter DNA oder RNA erfolgt dann dadurch, daß der Träger nach gründlichem Waschen und Absättigung zur Verhinderung unspezifischer Bindungen mit einem Antikörper oder Antikörperfragment inkubiert wird. Der Antikörper oder das Antikörperfragment ist

gegen das in die Nukleinsäure-Sonde bei der Derivatisierung inkorporierte Steroidhapten gerichtet. Er trägt konjugiert eine Markierung. Nach der Antikörper-Inkubation wird nochmals gewaschen, um nur spezifisch gebundene Antikörper-Konjugate nachzuweisen. Die Bestimmung erfolgt sodann über die Markierung des Antikörpers oder Antikörperfragments nach an sich bekannten Methoden.

Die Länge der Brücke, über die das Hapten an die Nukleinsäure-Probe gebunden ist, kann zwischen 4 und 32 Atome betragen. Die Brücke ist hierbei aus Molekülen aufgebaut, die die Atome C, O, S oder/und N enthalten. Eine größere Kettenlänge ist zwar möglich, aber nicht mehr sinnvoll, da mit einem Sensitivitätsverlust zu rechnen ist.

In einer bevorzugten Ausführungsform der Erfindung ist das Hapten über eine Brücke von 11 bis 16 Atomen Länge an die Probe gebunden. Bevorzugt enthält die Brücke neben hydrophoben auch hydrophile Gruppierungen.

In einer bevorzugten Ausführungsform ist die Brücke linear. In einer weiteren Ausführungsform besteht die Brücke aus einer verzweigten Kette und trägt an mindestens einem der Kettenenden ein Haptenmolekül. Durch das Vorhandensein mehrerer Haptenmoleküle an den Kettenenden einer verzweigtkettigen Brücke kann die Nachweisempfindlichkeit zusätzlich verstärkt werden.

Die Verbindung des Steroid-Haptens mit der Brücke ist vorzugsweise eine Ester-, Amid- oder Etherbindung.

Die Bindung des Steroid-Haptens über die Brücke an die Nukleinsäureprobe ist sowohl über eine endständige oder nicht endständige Phosphatgruppe, als auch über einen

Zuckerrest oder eine Base der Nukleinsäure-Probe möglich. Die Bindung des Haptens über die Brücke muß jedoch so erfolgen, daß nicht die Wasserstoffbrückenbildung zwischen den beiden komplementären Nukleinsäuresträngen beeinträchtigt wird.

Bevorzugt ist das Hapten über die Brücke an eine Base oder den Ribose-Anteil der Nukleinsäure-Probe gebunden, wobei das Hapten besonders bevorzugt über die Brücke an die C<sub>5</sub>-Position von Uracil oder Cytosin, die C<sub>8</sub>-Position von Adenin oder Guanin oder an die 2'-Position der Ribose gebunden ist.

Die Markierung des Anti-Hapten-Antikörpers oder des Antikörperfragments erfolgt in an sich bekannter Weise. Geeignet sind z. B. Enzymmarkierung, radioaktive Markierung, (Bio-)Luminiszensmarkierung oder Fluoreszenzmarkierung. Bevorzugt wird jedoch eine Enzymmarkierung mit Enzymen wie Alkalische Phosphatase, Peroxidase oder  $\beta$ -Galactosidase verwendet. Besonders bevorzugt wird als Markierungsenzym Alkalische Phosphatase verwendet. Die Bestimmung der Alkalischen Phosphatase erfolgt über Leukosysteme, insbesondere über Indigoide Systems als oxydierbare Verbindungen (siehe EP 228 663). Als Oxydationsmittel dienen Tetrazoliumsalze. Bei dem Markierungsenzym Alkalische Phosphatase wird als Redoxsystem bevorzugt X-Phosphat/Nitroblau-Tetrazolium eingesetzt (F.P. Altmann, Tetrazolium Salts and Formazans, Progr. Histochem. Cytochem. Vol. 913 (1976), Gustav Fischer Verlag, Stuttgart, S. 1). X-Phosphat ist hierbei ein Trivialname für 5-Brom-4-Chlor-3-Indolylphosphat, und Nitroblau-Tetrazolium steht für die Verbindung 3,3'-(3,3'-Dimethoxy-4,4'-Biphenylen)-bis-5-Phenyl-2-(4-Nitrophenyl)-Tetrazoliumchlorid (F.P. Altmann, Tetrazolium

Salts and Formazans, Progr. Histochem. Cytochem. Vol. 913 (1976), Gustav Fischer Verlag, Stuttgart, pp. 1). Alkalische Phosphatase spaltet das chromogene Substrat, in diesem Fall X-Phosphat, das durch die Abspaltung des Phosphats und Oxidation ein blaues, schwerlösliches Dimer bildet, wobei gleichzeitig die Tetrazolium-Verbindung zu einem ebenfalls blauen, schwerlöslichen Formazan reduziert wird. Diese Redoxreaktion ist in Fig. 3 dargestellt.

Der Nachweis der anderen geeigneten Markierungssysteme ((Bio)-Luminiszensmarkierung, Fluoreszenzmarkierung, radioaktive Markierung) wird nach an sich bekannten Methoden durchgeführt.

Das erfindungsgemäße Verfahren ist zur weiteren Veranschaulichung in Fig. 4 schematisch unter Verwendung von über eine Brücke von 11 Atomen an dUTP-gebundenem Digoxigenin als Hapten dargestellt.

Das erfindungsgemäße Verfahren kann besonders vorteilhaft angewendet werden zur:

in situ-Hybridisierung mit fixierten ganzen Zellen, mit fixierten Gewebsabstrichen und isolierten Chromosomen (Metaphasen-Chromosomen)

Colony-Hybridisierung (Zellen) und plaque-Hybridisierung (Phagen und Viren)

Northern-Hybridisierung (RNA-Nachweis)

Serum-Analytik (Nachweis von Virus- und bakteriellen Infektionen in Serum, Zelltyp-Analyse von Zellen im Serum; z.B. durch slot-blot-Analyse).

- 14 -

In einer weiteren bevorzugten Ausführungsform wird vor der Durchführung des erfindungsgemäßen Bestimmungsverfahrens eine Amplifikation der sample, wie in EP-A 0200362 beschrieben, durchgeführt.

Ein weiterer Gegenstand der Erfindung ist ein Verfahren zum Nachweis von Nucleinsäuren definierter Sequenz (sample), welches dadurch gekennzeichnet ist, daß man die sample, nach Denaturierung, mit mindestens zwei Oligonucleotiden (primer), von welchen ein erstes in seiner Sequenz komplementär zu einer Teilsequenz eines Stranges der nachzuweisenden Nucleinsäure und ein weiteres identisch mit einer anderen Teilsequenz des selben Stranges der nachzuweisenden Nucleinsäure ist, behandelt (Hybridisierung), mit Polymerase, vorzugsweise taq-DNA-Polymerase, mit Desoxyribonucleotiden und mit mindestens einem Desoxyribonucleotid, das chemisch gebunden ein Steroid enthält, welches an eine Position des Desoxyribonucleotids, die nicht an der Wasserstoffbrückenbindung beteiligt ist, über eine Brücke von mindestens 4 Atomen Länge gebunden ist, behandelt (Polymerisierung) und anschließend den Zyklus, bestehend aus Denaturierung, Hybridisierung und Polymerisierung mindestens einmal wiederholt, wobei eine zur sample komplementäre Nucleinsäure entsteht, welche markiert ist und die so entstandene markierte Nucleinsäure über einen seinerseits markierten Anti-Hapten-Antikörper nachweist. In einer bevorzugten Ausführungsform werden die Desoxyribonucleotide, die markierten Desoxyribonucleotide und die primer bereits vor der Denaturierungsreaktion zugesetzt.

In einer weiteren bevorzugten Ausführungsform wird nach Ablauf der Zyklen eine zur sample komplementäre, an eine Festphase immobilisierte Nucleinsäure zugegeben, eine Hybridisierungsreaktion durchgeführt und nach

**ERSATZBLATT**

- 15 -

Trennung von fester und flüssiger Phase die Markierung in der Festphase bestimmt.

Ein weiterer Gegenstand der Erfindung ist ein Verfahren zum Nachweis von Nucleinsäuren definierter Sequenz (sample), welches dadurch gekennzeichnet ist, daß man die sample nach Denaturierung mit mindestens zwei Oligonucleotiden (primer), von welchen ein erstes in seiner Sequenz komplementär zu einer Teilsequenz eines Stranges der sample und ein weiteres identisch mit einer anderen Teilsequenz desselben Stranges der nachzuweisenden Nucleinsäure ist, behandelt (Hybridisierung), mit Desoxyribonucleotiden, mit Polymerase, vorzugsweise taq-DNA-Polymerase, behandelt (Polymerisierung), anschließend den Zyklus, bestehend aus Denaturierung, Hybridisierung und Polymerisierung mindestens einmal wiederholt und abschließend einen Zyklus in Gegenwart von mindestens einem Desoxyribonucleotid, welches chemisch gebunden ein Steroid enthält, welches an eine Position des Desoxyribonucleotids, die nicht an der Wasserstoffbrückenbindung beteiligt ist, über eine Brücke von mindestens 4 Atomen Länge gebunden ist, wobei eine zur sample komplementäre Nucleinsäure entsteht, die markiert ist und die so entstandene markierte Nucleinsäure über einen seinerseits markierten Anti-Hapten-Antikörper nachweist.

In einer weiteren bevorzugten Ausführungsform wird nach Ablauf der Zyklen eine zur sample komplementäre, an eine Festphase immobilisierte Nucleinsäure zugegeben, eine Hybridisierungsreaktion durchgeführt und nach Trennung von fester und flüssiger Phase die Markierung in der Festphase bestimmt.

Die weiteren Bedingungen für diese Verfahren sind beispielsweise in der EP-A 0200362 beschrieben und unter dem Namen Polymerase chain reaction (PCR) bekannt.

- 16 -

Die folgenden Beispiele erläutern in Verbindung mit den Abbildungen die Erfindung näher.

Fig. 1 zeigt ein über eine Brücke von 11 Atomen Länge mit einem Digoxigenin-Molekül markiertes Desoxyuridintriphosphat;

Fig. 2 zeigt Photodigoxigenin;

Fig. 3 zeigt die Farbreaktionen beim Nachweis des Enzyms Alkalische Phosphatase über das Redoxsystem X-Phosphat/Nitroblau Tetrazolium;

Fig. 4 zeigt schematisch eine bevorzugte Ausführungsform des erfindungsgemäßen DNA-Nachweises;

Fig. 5 deutet die Herstellung eines RNA-Transkripts nach der SP6- bzw. T7-RNA-Polymerase katalysierten Transkriptionsmethode mit den Plasmiden pSPT18 an;

Fig. 6 zeigt die unterschiedlichen DNA-Bereiche der Plasmide pSPT18;

Fig. 7 zeigt ein Syntheseschema für die Herstellung von Photodigoxigenin;

Fig. 8 zeigt einen Vergleich der Sensitivitäten des erfindungsgemäßen Nachweises mit Digoxigenin als Hapten gegenüber dem Nachweis über Biotin/Streptavidin im Nachweis von Plazenta-DNA nach Southern-Blotting und Hybridisierung;

- 17 -

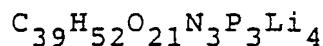
Fig. 9 zeigt einen Vergleich der Sensitivitäten einer erfindungsgemäßen enzymatischen Markierung (A) mit einer bekannten chemischen Markierung (B) im DNA-Nachweis; und

Fig. 10 zeigt die DNA-Sequenz (A) und Restriktionskante (B) von pSPT18.

#### B e i s p i e l 1

Digoxigenin-O-succinyl- $\beta$ -(amidoallyl)-2'-desoxy-uridin-5'-triphosphat-Tetralithiumsalz

(Dig-4-dUTP)



MG 1019,5

200 mg Digoxigenin-O-succinyl-N-hydroxysuccinimidester (0,34 mMol) werden in 7 ml Dimethylformamid gelöst und einer Lösung von 186 mg 5-Allylamino-2'-desoxy-uridin-5'-triphosphat-Tetralithiumsalz (0,34 mMol) in 6 ml H<sub>2</sub>O zugefügt. Man gibt zu dem Reaktionsgemisch 62 ml 0,1 M Na-boratpuffer, pH 8,5 und röhrt ca. 15 Stunden bei Raumtemperatur über Nacht.

Nach dieser Zeit beobachtet man papierelektrophoretisch (0,05 M-Citratpuffer, pH 5,0) unter UV-Licht neben unumgesetztem 5-Allylamino-dUTP einen etwas tiefer laufenden Fleck des gewünschten Produktes.

Die Aufreinigung geschieht wie unter Beispiel 9 beschrieben.

**ERSATZBLATT**

- 18 -

Ausbeute: 130 mg = 37% der Th.

UV-Spektrum (Phosphatpuffer pH 7,0): Maxima: 220 nm,  
290 nm

B e i s p i e l 2

Digoxigenin-O-succinyl- $\epsilon$ -amidocapronsäure

$C_{33}H_{49}O_9N$  MG: 603,8

In einem 250 ml-Rundkolben werden 5 g Digoxigenin-O-succinyl-N-hydroxysuccinimidester (8,5 mMol) in 150 ml Dimethylformamid (DMF) gelöst und dazu eine Suspension von 1,12 g 6-Aminocapronsäure (8,5 mMol) und 1,2 ml Triethylamin in 20 ml DMF gegeben. Man röhrt über Nacht bei Raumtemperatur magnetisch, wobei allmählich eine homogene Lösung entsteht. Nach dieser Zeit ist die Umsetzung laut Dünnschichtchromatographie (Kieselgel; Essigsäureethylester/Petrolether/Ethanol 1:1:1,

Detektion: Besprühen mit einer Mischung von 10 ml Eisessig + 0,2 ml konz.  $H_2SO_4$  + 0,1 ml Anisaldehyd und Erhitzen auf 120°C bis zum Erscheinen blauschwarzer Flecke;  $R_f$  ca. 0,7;  $R_f$  Digoxigenin-OSu-ester ca. 0,85) praktisch vollständig.

Man destilliert DMF im Hochvakuum restlos ab und löst das verbleibende Öl in 50 ml  $H_2O$  unter Zugabe von konz. Ammoniaklösung. Dann wird durch Zufügen von 225 ml wäßriger Zitronensäurelösung (100 g Zitronensäure/l) die "freie" Digoxigeninamidocapronsäure abgeschieden. Die harzig-zähe Masse wird durch Anreiben mit Wasser fest; man saugt ab, wäscht mehrfach mit  $H_2O$  nach und trocknet letztlich über  $P_2O_5$  im Ölpumpenvakuum.

**ERSATZBLATT**

Ausbeute: 3,45 g = 68% der Th.

B e i s p i e l 3

## Digoxigenin-0-succinyl- $\epsilon$ -amidocapronsäure-N-hydroxy-succinimidester

$$\text{C}_{37}\text{H}_{52}\text{O}_{11}\text{N}_2$$

MG: 700.8

In einem 100 ml-Rundkolben werden 3,45 g Digoxigenin-O-succinyl- $\epsilon$ -amidocapronsäure (5,7 mMol) in 20 ml wasserfreiem Dimethylformamid (DMF) gelöst, und nacheinander mit 0,7 g N-Hydroxysuccinimid (6 mMol), sowie 1,3 g Dicyclohexylcarbodiimid (6,3 mMol) versetzt. Man röhrt über Nacht bei Raumtemperatur, saugt anderntags vom abgeschiedenen Dicyclohexylharnstoff ab und zieht das DMF im Ölumpenvakuum ab. Das zurückbleibende Öl wird in 20 ml Essigsäureethylester aufgenommen und in ca. 150 ml eiskalten (-20°C) Petrolether eingerührt. Das ausgefallene, anfangs noch harzig-zähe Produkt reibt man mehrfach mit eiskaltem trockenem Petrolether bis zum Festwerden durch. Nach Trocknung über  $P_2O_5$  im Vakuum erhält man

3,35 g = 84 % der Th.

### Elementaranalyse:

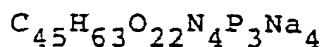
C ber.: 63,4% H ber.: 7,5% N ber.: 4,0 %  
C qef.: 63,1% H qef.: 7,7% N qef.: 4,07%.

- 20 -

B e i s p i e l 4

Digoxigenin-O-succinyl- $\epsilon$ -amidocaproyl- $\beta$ -(amidoallyl)-  
-2'-desoxy-uridin-5'-triphosphat-Tetranatriumsalz

(Dig-11-dUTP)



MG: 1196,7

260 mg Digoxigenin-O-succinyl- $\epsilon$ -amidocapronsäure-N-hydroxysuccinimidester (0,37 mMol) werden in 7 ml DMF gelöst und zu einer Lösung von 200 mg 5-Allylamino-2'-desoxy-uridin-5'-triphosphat-Tetralithiumsalz (0,37 mMol) in 6 ml  $\text{H}_2\text{O}$  gegeben. Man fügt dem Gemisch 62 ml 0,1 m-Natriumboratpuffer, pH 8,5 zu und röhrt bei Raumtemperatur über Nacht (ca. 15 Stunden).

In der Papierelektrophorese (0,05 m-Citratpuffer, pH 5,0) beobachtet man im UV-Licht nach dieser Zeit neben etwas unumgesetztem Allylamino-dUTP einen etwas tiefer laufenderen Fleck der gewünschten Verbindung (alternativ: Dünnschichtchromatographie (DC) auf Kieselgel, Fließmittel Isobuttersäure/konz. Ammoniaklösung/ $\text{H}_2\text{O}$  = 66:1:33, Detektion im UV oder Besprühen mit Anisaldehyd-Reagenz - siehe Beispiel 2 -;  $R_f$ -Werte: 5-Allylamino-dUTP 0,2; Dig-amidocapronsäure-OSu-ester 0,7; Dig-11-dUTP 0,45).

Zur Aufreinigung wird das Reaktionsgemisch im Ölpumpenvakuum bis zum festen Rückstand eingedampft, in 200 ml  $\text{H}_2\text{O}$  aufgenommen und auf eine Ionenaustauschersäule (DEAE-Sephadex A25,  $\text{HCO}_3^-$ -Form, Säulendimension 1,5 x 30 cm) gegeben. Nach Aufziehen wird kurz mit Wasser gewaschen, dann mit einem Gradient von je 1 l  $\text{H}_2\text{O}$  auf 0,4 m TEAB (Triethylammoniumbicarbonat), pH 8 eluiert. Die reines Produkt enthaltenden Fraktionen werden vereinigt, im

- 21 -

Vakuum konzentriert und durch mehrfaches Eindampfen mit Methanol von überschüssigem TEAB befreit (kein Geruch von freiem Triethylamin mehr!). Man nimmt den Kolbeninhalt in wenigen ml Wasser auf, passiert die Lösung über eine kurze Kationenaustauschersäule DOWEX 50 WS8 (1 x 10 cm) in der  $\text{Na}^+$ -Form, wäscht die Säule bis zur ODE-Freiheit des Waschwassers (Messung im UV bei 240 nm) und dampft im Vakuum bis auf ca. 20 ml ein. Nach Lyophilisation werden 200 mg (45% der Th.) Dig-11-dUTP- $\text{Na}_4$  als weißes Pulver erhalten.

Analytik:  $\text{H}_2\text{O}$ -Bestimmung: 7,9%

Elementaranalyse: (unter Berücksichtigung des  $\text{H}_2\text{O}$ -Gehaltes):

C ber.: 41,8% H ber.: 5,3% N ber.: 4,3% P ber.: 7,2%  
C gef.: 41,08% H gef.: 5,35% N gef.: 4,7% P gef.: 7,1%.

UV-Spektrum (Phosphatpuffer pH 7,0): Maxima: 220 nm, 290 nm.

B e i s p i e l 5

Digoxigenin-O-succinyl- $\gamma$ -amidobuttersäure

$\text{C}_{31}\text{H}_{45}\text{O}_9\text{N}$  MG: 575,8

Die Verbindung wird durch Umsetzung von 3 g Digoxigenin-O-succinyl-N-hydroxysuccinimidester (5,1 mMol) mit 0,63 g 4-Aminobuttersäure (6,1 mMol) wie in Beispiel 1 für das Capronsäurederivat beschrieben, hergestellt. Nach erfolgter Umsetzung wird das Reaktionsgemisch im Vakuum eingedampft, der Rückstand in  $\text{H}_2\text{O}$ -Methanol (20%) gelöst und über eine Kationenaustauschersäule (DOWEX 50 WX8)

- 22 -

in der  $\text{H}^+$ -Form gegeben. Eluat und Waschwasser (pH ca. 4) werden eingedampft, der zurückbleibende schmierig-zähe Rückstand in n-Butanol gelöst und dreimal mit Wasser ausgeschüttelt. Die Butanol-Phase enthält das gewünschte Produkt und wird nach Abziehen des Butanols und dreimaliger Codestillation mit wasserfreiem DMF (Entfernung restlichen Wassers) direkt zur Weiterverarbeitung zum entsprechenden N-Hydroxy-succinimidester (Beispiel 6) eingesetzt.

Ausbeute: 2,94 g (Öl)

B e i s p i e l 6

Digoxigenin-O-succinyl- $\gamma$ -amidobuttersäure-N-hydroxy-succinimidester

$\text{C}_{35}\text{H}_{48}\text{O}_{11}\text{N}_2$

MG: 672,8

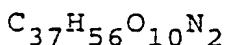
2,94 g Digoxigenin-O-succinyl- $\gamma$ -amidobuttersäure (ca. 5,1 mMol) werden als Öl aus Beispiel 5 mit 0,62 g N-Hydroxysuccinimid (5,4 mMol) und 1,16 g Dicyclohexylcarbodiimid (5,6 mMol) in 20 ml wasserfreiem DMF wie unter Beispiel 3 beschrieben, umgesetzt und aufgearbeitet. Der resultierende Hydroxysuccinimidester wird als Öl - wie in Beispiel 7 beschrieben - mit  $\mathcal{E}$ -Aminocapron-säure umgesetzt.

Ausbeute: 3,46 g (Öl)

- 23 -

B e i s p i e l      7

Digoxigenin-O-succinyl-  $\gamma$ -amidobutyryl-  $\varepsilon$ -amidocapron-säure



MG: 689,0

In einem 250 ml-Rundkolben werden 0,8 g  $\varepsilon$ -Aminocapron-säure (6,2 mMol) und 0,75 ml Triethylamin in 12 ml DMF suspendiert und dazu eine Lösung von 3,46 g Digoxigenin-O-succinyl-  $\gamma$ -amidobuttersäure-N-hydroxysuccinimid-ester (5,1 mMol, Öl aus Beispiel 6) in 90 ml DMF gegeben. Man lässt über Nacht ca. 15 Stunden bei Raumtemperatur röhren, wonach eine nahezu homogene Lösung entstanden ist. Laut DC (Bedingungen siehe unter Beispiel 2) ist die Umsetzung fast quantitativ.

Die Aufarbeitung geschieht wie unter Beispiel 5 beschrieben (Überführung in die "freie" Carbonsäure durch DOWEX 50-Chromatographie, Extraktion mit n-Butanol). Die Butanol-Phase enthält neben dem gesuchten Produkt noch etwas polareres und unpolares Material und wird deswegen durch Chromatographie an Kieselgel 60 (Säule 40x3cm, Elutionsmittel Essigsäureethylester/Petrolether 50/75/Ethanol 1:1:1) gereinigt. Nach Vereinigen der sauren Fraktionen und Eindampfen erhält man als Öl

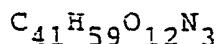
1,48 g = 42% der Th.

B e i s p i e l      8

Digoxigenin-O-succinyl-  $\gamma$ -amidobutyryl-  $\varepsilon$ -amidocapron-säure-N-hydroxysuccinimid-ester

**ERSATZBLATT**

- 24 -



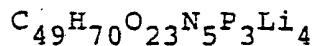
MG: 785,8

0,2 g Digoxigenin-O-succinyl- $\gamma$ -amidobutyryl- $\varepsilon$ -amido-capronsäure (Öl aus Beispiel 7, ca. 0,29 mMol) werden mit 0,034 g N-hydroxysuccinimid (0,3 mMol) und 66 mg Dicyclohexylcarbodiimid (0,32 mMol) in 8 ml wasserfreiem DMF wie unter Beispiel 3 beschrieben, umgesetzt und aufgearbeitet. Der erhaltene ölige Rückstand ist auch durch mehrfaches Durchreiben mit kaltem Petrolether nicht festzubekommen und wurde daher nach Abziehen der Lösungsmittel direkt - wie in Beispiel 9 beschrieben - mit 5-Aminoallyl-dUTP zur Reaktion gebracht.

Ausbeute: 0,25 g (Öl)

B e i s p i e l 9

Digoxigenin-O-succinyl- $\gamma$ -amidobutyryl- $\varepsilon$ -amidocaproyl-[5-amidoallyl)-2'-desoxy-uridin-5'-triphosphat]-Tetra-lithiumsalz  
(Dig-16-dUTP)



MG 1217,7

250 mg Digoxigenin-O-succinyl- $\gamma$ -amidobutyryl- $\varepsilon$ -amido-capronsäure-N-hydroxy-succinimid-ester (Öl aus Beispiel 8, ca. 0,3 mMol) werden in 7 ml DMF gelöst und zu einer Lösung von 210 mg 5-Allylamino-2'-desoxy-uridin-5'-triphosphat-Tetralithiumsalz (0,38 mMol) in 6 ml  $H_2O$  gegeben. Man gibt dem Reaktionsgemisch 62 ml 0,2 m Natriumboratpuffer, pH 8,5 zu und röhrt ca. 15 Stunden über Nacht bei Raumtemperatur. Der Reaktionsablauf wird wie unter Beispiel 4 beschrieben, verfolgt.

**ERSATZBLATT**

- 25 -

Zur Aufreinigung wird der Ansatz im Ölumpenvakuum bis zum festen Rückstand eingedampft, in ca. 200 ml H<sub>2</sub>O gelöst und auf eine Ionenaustauschersäule (DEAE-Sephadex A-25, Cl<sup>-</sup>-Form, Säulenabmessung 1,5 x 30 cm) gegeben. Nach Waschen mit H<sub>2</sub>O wird mit einem linearen Gradienten von 2 l H<sub>2</sub>O auf 2 l 0,3 m-LiCl eluiert. Die das reine Produkt enthaltenden Fraktionen werden vereinigt, im Vakuum so weit konzentriert, bis kein H<sub>2</sub>O mehr übergeht und das Konzentrat anschließend in einem Aceton-Ethanol-Gemisch (3:1) durch Einröhren gefällt. Man zentrifugiert vom Überstand ab, wäscht bis zur Cl<sup>-</sup>-Freiheit mit Ethanol und trocknet mit Vakuum über P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>/KOH.

Ausbeute: 250 mg = 68 % der Th.

Analytik: H<sub>2</sub>O-Bestimmung: 6,3%.

Elementaranalyse (unter Berücksichtigung des H<sub>2</sub>O-Gehaltes):

C ber.: 45,5% H ber.: 5,7% N ber.: 5,4% P ber.: 7,2%  
C gef.: 45,1% H gef.: 5,6% N gef.: 5,6% P gef.: 7,0%

UV-Spektrum (Phosphatpuffer pH 7,0):

Maxima: 220 nm (Schulter)

289 nm

B e i s p i e l 10

Digoxigenin-O-succinyl- $\epsilon$ -amidocaproyl-[5-(amidoallyl)-uridin-5'-triphosphat]-Tetralithiumsalz  
(Dig-11-UTP)

C<sub>45</sub>H<sub>63</sub>O<sub>23</sub>N<sub>4</sub>P<sub>3</sub>Li<sub>4</sub>

MG: 1148,5

**ERSATZBLATT**

- 26 -

Die Verbindung wird durch Umsetzung von 520 mg Digoxigenin-O-succinyl- $\xi$ -amidocapronsäure-N-hydroxysuccinimidester (0,74 mMol) mit 416,5 mg 5-Allylamino-UTP-Tetralithiumsalz (0,74 mMol) analog Beispiel 4 hergestellt. Die Ionenaustauscherchromatographie erfolgt jedoch in Abwandlung nach Beispiel 9 an DEAE-Sephadex-A-25 in der Cl<sup>-</sup>-Form.

Ausbeute: 560 mg = 66 % d. Th.

Analytik: H<sub>2</sub>O-Bestimmung: 8,1%

Elementaranalyse (unter Berücksichtigung des H<sub>2</sub>O-Gehaltes):

C ber.: 43,5% H ber.: 5,47% N ber.: 4,5% P ber.: 7,47%  
C gef.: 43,1% H gef.: 5,3% N gef.: 4,5% P gef.: 7,35%

UV-Spektrum (Phosphatpuffer pH 7,0):

entspricht Dig-11-dUTP

B e i s p i e l 11

Digoxigenin-O-succinyl- $\gamma$ -amidobutyryl- $\xi$ -amidocaproyl- $\beta$ 5-(amidoallyl)-uridin-5'-triphosphat-Tetralithiumsalz (Dig-16-dUTP)

C<sub>49</sub>H<sub>70</sub>O<sub>24</sub>N<sub>5</sub>P<sub>3</sub>Li<sub>4</sub> MG: 1233,7

Die Verbindung wird durch Umsetzung von 250 mg Digoxigenin-O-succinyl- $\gamma$ -amidobutyryl- $\xi$ -amidocapronsäure-N-hydroxysuccinimidester (0,3 mMol, nach Beispiel 8 erhalten) mit 214 mg 5-Allylamino-UTP-Li<sub>4</sub> (0,38 mMol) analog Beispiel 9 hergestellt.

**ERSATZBLATT**

- 27 -

Ausbeute: 218 mg = 59 % d. Th.

Analvtik: H<sub>2</sub>O-Bestimmung = 7,2%

Elementaranalyse (unter Berücksichtigung des H<sub>2</sub>O-Wertes):

C ber.: 44,45% H ber.: 5,67% N ber.: 5,3% P ber.: 7,0%

C gef.: 44,3 % H gef.: 5,5 % N ber.: 5,3% P gef.: 7,1%

UV-Spektrum (Phosphatpuffer pH 7,0):

entspricht Dig-16-dUTP

B e i s p i e l 12

Herstellung von N-Azidobenzoyl-1,8-diamino-3,6-dioxa-octan

5,20 g (20 mmol) Azidobenzoësäure-N-hydroxysuccinimidester (Fa. Pierce, D-6054 Rodgau 1) werden in wasserfreiem Essigester gelöst und mit 29,3 ml (200 mmol) 1,8-Diamino-3,6-dioxaoctan versetzt. Die Reaktionsmischung lässt man 20 Stunden bei 20°C im Dunkeln röhren. Das Lösungsmittel wird im Vakuum entfernt und der ölige Rückstand in 300 ml Wasser gelöst. Das Produkt wird mit 2 l Toluol in einem Perforator aus der wässrigen Phase extrahiert, wobei man die Apparatur mit Aluminiumfolie umwickelt. Die Extraktion ist nach ca. 16 Stunden beendet. Die organische Phase wird am Vakuum vom Lösungsmittel befreit und das Produkt durch präparative Säulenchromatographie an Kieselgel (Säule 80 x 10 cm, Eluent: Chloroform/Methanol/konz. Ammoniaklösung 65:30:5) aufgereinigt und nach Abdampfen des Lösungsmittels im Hochvakuum getrocknet.

Ausbeute: 3,2 g (55%); farbloses, zähes Öl.

**ERSATZBLATT**

- 28 -

B e i s p i e l 13

Herstellung von Digoxigenin-3-hemisuccinat/[N'-(4-azido-benzoyl)]-8-amino-3,6-dioxaoctylamid (Photodigoxigenin)

2,93 g (10 mmol) des Produktes aus Beispiel 12 werden in 200 ml wasserfreiem Dioxan gelöst und mit 5,87 g (10 mmol) Digoxigenin-3-hemisuccinat-N-hydroxysuccinimidester (Herstellung analog: G. C. Oliver, Jr. Brent, M. Parker, D.L. Brasfield und Ch.W. Parker; J. clin. Invest. 47 (1986), 1035) versetzt. Man lässt 20 Stunden bei Raumtemperatur röhren, entfernt das Lösungsmittel im Vakuum und trennt das entstandene Produkt durch präparative Mitteldruck-Flüssig-Chromatographie ab (Säulenvolumen: 1640 ml, Labochrom Reversed-Phase-Silica HD-SIL-18-30-60, Eluent Methanol/Wasser 7:3 + 1 % Eisessig). Nach Sammlung der entsprechenden Fraktionen wird das Lösungsmittel im Vakuum entfernt und der ölige Rückstand in Dioxan Gelöst. Nach Lyophilisation und Waschen mit 100 ml Diisopropylether wird das Produkt Digoxigenin-3-hemisuccinat/[N'-(4-azidobenzoyl)]-8-amino-3,6-dioxaoctylamid als farbloser, leicht klebriger Feststoff erhalten, der im Hochvakuum getrocknet wird.

Ausbeute: 4,9 g (64%).

IR (Aceton): = 2150, 1728, 1639  $\text{cm}^{-1}$ .

B e i s p i e l 14

Markierung einer Nukleinsäure-Sonde nach der "Random Primed" Methode

ERSATZBLATT

1  $\mu$ g der zu markierenden linearen DNA wurde in einem Volumen von 10  $\mu$ l durch 5minütiges Kochen und anschließendes Abschrecken auf Eis denaturiert. Danach wurden in einem Reaktionsgefäß je 1  $\mu$ l einer 2 mmol/l Lösung von Desoxyadenosintriphosphat, Desoxycytidintriphosphat und Desoxyguanosintriphosphat und die denaturierte DNA vereinigt. Dazu wurde 1  $\mu$ l einer Lösung, die 1,4 mmol/l Desoxythymidintriphosphat und 0,6 mmol/l, wie in Beispiel 4 hergestelltes Digoxigenin-11-dUTP enthält zugesetzt. Danach wurden 2  $\mu$ l eines sogenannten Reaktionsgemisches zugegeben. Das Reaktionsgemisch enthielt als wichtigste Komponente das sogenannte "Random-Hexanucleotid". Es handelt sich dabei um chemisch synthetisierte Oligonukleotide von 6 Basen Länge, wobei bei der Synthese in jedem Schritt alle 4 Nukleotide (A, C, G und T) angeboten werden und somit ein Gemisch aller möglichen Oligonukleotid-Sequenzen entsteht. Die chemische Zusammensetzung des Reaktionsgemisches war: Tris-HCl, 0,5 mol/l; MgCl<sub>2</sub>, 0,1 mol/l; Dithioeritrit, 1 mmol/l; Rinderserum-Albumin, molekularbiologische Qualität, 2 mg/ml; Random Hexanucleotid, 3,125 mg/ml; pH 7,2 (20°C); zuletzt wurde 1  $\mu$ l Klenow Polymerase, entsprechend 2 Einheiten, zugegeben und die Mischung mit sterilem Wasser auf 20  $\mu$ l Endvolumen gebracht und 1 Stunde bei 37°C inkubiert.

Danach wurde die Reaktion durch Zugabe von 2  $\mu$ l 0,2 mol/l EDTA (Ethylendinitrilo-Tetraessigsäure), pH 8,0 gestoppt und uneingebaute Desoxyribonukleosidtrisphosphate wurden durch eine Ethanolfällung abgetrennt. Hierzu wurden dem Inkubationsansatz 2  $\mu$ l LiCl, 4 mol/l, und 60  $\mu$ l auf -20°C vorgekühltes absolutes Ethanol zugegeben, gemischt und der Fällungsansatz bei -70°C 30 Minuten lang oder bei -20°C über Nacht inkubiert. Anschließend wurde bei 12000 x g (Erdbeschleunigung) 10 Minuten lang zentrifugiert, der Überstand abdekantiert,

- 30 -

der Niederschlag kurz mit kaltem 70 %igem Ethanol gewaschen und zuletzt im Vakuum getrocknet. Die markierte gereinigte DNA wurde schließlich in 50  $\mu$ l TE-Puffer (Tris-HCl, 10 mmol/l; EDTA, 1 mmol/l; pH 8,0) resuspendiert.

B e i s p i e l 15

Markierung einer Nukleinsäure-Sonde nach der "Nick Translations" Methode

1  $\mu$ g der zu markierenden DNA wurde gemischt mit je 1  $\mu$ l einer 0,4 mmol/l Lösung von Desoxyadenosintriphosphat, Desoxycytidintriphosphat und Desoxyguanosintriphosphat.

Es wurde dann 1  $\mu$ l einer Lösung, die 0,35 mmol/l Desoxythymidintriphosphat und 0,15 mmol/l wie in Beispiel 4 hergestelltes Dig-11-dUTP enthielt, zugesetzt. Des Weiteren wurden 2  $\mu$ l einer 10-fach konzentrierten Puffer-Lösung (Tris-HCl, 0,5 mol/l;  $MgCl_2$ , 0,1 mol/l; Dithioerytrit, 1 mmol/l; pH 7,5) sowie 2  $\mu$ l einer Enzym-Lösung, enthaltend 2 Einheiten DNA Polymerase I und 1,6 mEinheiten DNaseI zugesetzt, mit sterilem zweifach destilliertem Wasser auf ein Endvolumen von 20  $\mu$ l aufgefüllt und der Ansatz 60 Minuten bei 14°C inkubiert.

Die Reaktion wurde wie im Beispiel 13 mit EDTA gestoppt und die markierte DNA wie oben beschrieben gereinigt und gelöst.

**ERSATZBLATT**

- 31 -

B e i s p i e l      16

Markierung einer Nukleinsäure-Sonde mit der "Tailing"  
Methode

Bei der 3'-Endmarkierung mit Hilfe des Enzyms Terminal Transferase wurde ein Digoxigenin-11-Didesoxyuridintriphosphat eingesetzt. Dieses wurde, wie im Beispiel 4 beschrieben, synthetisiert, mit der Ausnahme, daß als Ausgangssubstanz 5-Allylamino-2',3'-didesoxy-uridin-5'-triphosphat-Tetralithiumsalz anstelle des 2'-Desoxyuridinsalzes eingesetzt wurde. Die Markierungsreaktion wurde wie folgt durchgeführt:

In einem Reaktionsgefäß wurden gemischt:

25 µl Markierungspuffer (Kalium-Kakodylat, 200 mmol/l; Tris-HCl, 50 mmol/l; Rinderserumalbumin, 0,4 mg/ml; pH 7,2), 5 µl 25 mmol/l  $\text{CoCl}_2$ -Lösung, 1,5 µg HaeII-gespaltene pBR322-DNA und 5 µl entsprechend 25 Einheiten Terminal Transferase. Das Volumen wurde mit sterilem zweifach destilliertem Wasser auf 48 µl gebracht und schließlich 2 µl einer 0,1 mmol/l Lösung von Digoxigenin-11-ddUTP zugegeben.

Nach Mischen und Zentrifugation wurde die Reaktion bei 37°C für eine Stunde inkubiert.

Das Abstoppen der Reaktion und die Abtrennung uneingebauter Nukleotide erfolgte wie oben im Beispiel 14 beschrieben.

B e i s p i e l      17

Markierung einer Nukleinsäure-Sonde mit der "Transkriptions" Methode

**ERSATZBLATT**

Das Prinzip der Reaktion ist der Fig. 5 zu entnehmen. Die zur Markierung verwendete DNA wurde in den Transkriptionsvektor pSPT18 (Fig. 6 und Fig. 10) insertiert. Der Vektor enthält einen Promotor für die SP6 und einen Promotor für die T7 RNA Polymerase. Die DNA wurde vor der Markierungsreaktion an einer Stelle außerhalb der insertierten DNA-Sequenz und der Promotoren, sowie den die Promotoren und die DNA-Sequenz verbindenden Sequenzen linearisiert.

1 µg der linearisierten Substrat-DNA wurde in einem Reaktionsgefäß je 1 µl einer 10 mmol/l Lösung von Adenosintriphosphat, Cytidintriphosphat und Guanosintriphosphat zugesetzt. Dazu wurde 1 µl einer Lösung, die 6,5 mmol/l Uridintriphosphat und 3,5 mmol/l Digoxigenin-11-UTP enthält, zugegeben. Digoxigenin-11-UTP wird im Beispiel 10, ähnlich wie im Beispiel 4 Digoxigenin-11-dUTP hergestellt, als Ausgangssubstanz wird lediglich anstelle des Allylamino-Desoxyuridinsalzes das Allylamino-Uridinsalz eingesetzt.

Weiterhin wurden dem Ansatz 2 µl eines 10fach konzentrierten Puffers (Tris-HCl, 0,4 mol/l; MgCl<sub>2</sub>, 60 mmol/l; Dithiothreitol, 50 mmol/l; Spermidin, 40 mmol/l; pH 7,2) zugegeben, das Volumen auf 19 µl mit sterilem bidestilliertem Wasser aufgefüllt und schließlich die Reaktion durch Zugabe von 1 µl, entsprechend 10 Einheiten der RNA Polymerase (SP6 bzw. T7) gestartet.

Nach kurzer Zentrifugation wurde der Ansatz bei 37°C für eine Stunde inkubiert.

Die Substrat-DNA wurde anschließend durch Zusatz von 1 µl DNaseI, RNase-frei, entsprechend 10 Einheiten, 15 Minuten bei 37°C abgebaut.

- 33 -

Die Reaktion wurde durch Zugabe von 2  $\mu$ l 0,2 mol/l EDTA, pH 8,0 gestoppt. Die erhaltene Digoxigenin-markierte RNA-Probe wurde durch Extraktion mit 1 Volumen Phenol und durch anschließende Ethanol-Präzipitation von Proteinen und Nukleotiden gereinigt und schließlich in steriles Puffer (Tris-HCl, 10 mmol/l; EDTA, 1 mmol/l; pH 8,0) gelöst.

#### B e i s p i e l 18

Markierung einer Nukleinsäure-Sonde mit der "photochemischen" Methode

Die gereinigte DNA-Lösung (keine organischen Puffer) vorzugsweise in einer Konzentration von 0,5 bis 1,0  $\mu$ g/ $\mu$ l wurde in einem Eppendorf Reaktionsgefäß im Halbdunkeln mit demselben Volumen einer 1 mg/ml Photodigoxigenin-Lösung (Beispiel 13) vermischt. Das Gemisch wurde unter Eiskühlung mit einer Philips HPLR 400 W Lampe in 10 cm Abstand 10 bis 30 Minuten lang von oben durch die Gefäßöffnung bestrahlt. Das Reaktionsgemisch mußte dabei kalt bleiben.

Nach der Reaktion wurde mit 0,1 M Tris-HCl, pH 9,0, 1,0 mM EDTA auf 100  $\mu$ l aufgefüllt.

Die Lösung wurde mit 100  $\mu$ l Butan-2-ol ausgeschüttelt, kurz zentrifugiert und die obere Butanolphase entfernt.

Die Butan-2-ol Extraktion wurde einmal wiederholt, die wäßrige Phase sollte jetzt auf 30 bis 40  $\mu$ l konzentriert sein.

**ERSATZBLATT**

- 34 -

Nach Zugabe von Träger (Carrier) DNA (nur bei kleinen DNA Mengen) wurde durch Zugabe von 5  $\mu$ l 3 M Natriumacetat oder einem entsprechenden Salz (z.B. 4 M LiCl) und 100  $\mu$ l Ethanol bei -20°C über Nacht gefällt.

Nach Zentrifugation bei 4°C für 15 Minuten in einer Eppendorfzentrifuge wurde das Pellet mit kaltem 70% Ethanol gewaschen, getrocknet und in 0,1 mM EDTA gelöst.

#### B e i s p i e l 19

##### Hybridisierung mit einer markierten DNA-Sonde

Zur Hybridisierung wurde ein Nitrocellulosefilter (Schleicher & Schüll, BA 85) mit darauf fixierter DNA verwendet. Zur Vorhybridisierung wurde der Filter zunächst 1 Stunde in einer Lösung, bestehend aus NaCl, 0,75 mol/l; Na-Citrat, 75 mmol/l; Casein, 0,5 % (w/v); Laurylsarcosin, 0,1 % (v/v); Natriumdodecylsulfat, 0,02 % (w/v); pH 7,0 (20°C) bei 65°C inkubiert. Anschließend wurde die Lösung durch eine frische Lösung der selben Zusammensetzung ersetzt, der zusätzlich 100 ng/ml der wie in Beispiel 14 bis 16 oder 18 hergestellten markierten, frisch denaturierten DNA zugegeben wurden. Es erfolgte eine erneute Inkubation bei 65°C für 14 Stunden. Danach wurde unspezifisch gebundene DNA durch zwei Waschschritte entfernt und zwar zuerst mit einer Lösung von NaCl, 0,3 mol/l; Na-Citrat, 30 mmol/l; Na-Dodecylsulfat, 0,1 % (w/v); pH 7,0 für 2 x 5 Minuten bei Raumtemperatur und anschließend mit einer Lösung von NaCl, 15 mmol/l; Na-Citrat, 1,5 mmol/l; Na-Dodecylsulfat, 0,1 % (w/v); pH 7,0 für 2 x 15 Minuten bei 65°C.

ERSATZBLATT

- 35 -

B e i s p i e l 20

Hybridisierung mit einer markierten RNA-Sonde

Hybridisierung und anschließende Waschungen wurden exakt wie im Beispiel 19, anhand der DNA-Probe geschildert, durchgeführt. Es wurde lediglich anstelle der im Beispiel geschilderten denaturierten markierten DNA-Probe eine wie im obigen Beispiel 17 markierte, frisch denaturierte RNA-Probe verwendet.

Die Konzentration der Digoxigenin-markierten RNA in der Hybridisierungslösung wurde so gewählt, daß pro ml Hybridisierungslösung die Transkripte von 100 ng Substrat-DNA eingesetzt wurden.

B e i s p i e l 21

Detektion mit Hilfe des Nachweis-Systems Alkalische Phosphatase/X-Phosphat/Nitroblau-Tetrazolium

Der hybridisierte Filter aus Beispiel 19 oder 20 wurde zunächst 1 Minute in Tris-HCl, 0,1 mol/l, pH 7,5; NaCl, 0,15 mol/l gewaschen. Zur Blockierung unspezifischer Bindungsstellen der Membran wurde anschließend mit 0,5% (w/v) Casein in Tris-HCl 0,1 mol/l, pH 7,5; NaCl, 0,15 mol/l 40 Minuten lang unter leichtem Schwenken inkubiert.

Danach wurde die Antikörperbindungsreaktion durchgeführt. Dazu wurde die Membran mit Anti-Digoxigenin/Alkalische Phosphatase-Konjugat, 150 mEinheiten/ml in Tris-HCl, 0,1 mol/l; pH 7,5; NaCl, 0,15 mol/l 20 Minuten lang inkubiert. Unspezifisch gebundenes Protein wurde dann durch 2 x 15 minütiges Waschen mit dem selben Puffer

**ERSATZBLATT**

- 36 -

entfernt. Danach wurde der Filter in Tris-HCl, 0,1 mol/l, pH 9,5; NaCl 0,1 mol/l; MgCl<sub>2</sub>, 50 mmol/l 5 Minuten lang auf pH 9,5 umequilibriert, die Alkalische Phosphatase hat nämlich bei höheren pH-Werten ihr Aktivitätsoptimum. Der Nachweis gebundenen Antikörper-Konjugats und damit der hybridisierten markierten DNA erfolgte durch eine von der Alkalischen Phosphatase katalysierten Farbreaktion. Dazu wurde der Filter in Tris-HCl, 0,1 mol/l, pH 9,5; NaCl, 0,1 mol/l; MgCl<sub>2</sub>, 50 mmol/l, wobei pro 10 ml Lösung 45 µl Nitroblau-Tetrazolium-Lösung (75 mg/ml in Dimethylformamid, 70 % (v/v)) und 35 µl einer X-Phosphatlösung (50 mg/ml 5-Bromo-4-Chloro-3-Indolylphosphat in Dimethylformamid) zugesetzt wurden, inkubiert.

Die Farbreaktion erfolgte unter weitgehendem Sauerstoffausschluß, indem man die Membran mit dieser Lösung in eine Folie (normale Koch- oder Gefrierbeutel) einschweißte und im Dunkeln aufbewahrte. Die Farbreaktion setzte sehr schnell ein, konnte aber an Intensität noch über mehrere Tage zunehmen. Eine Dokumentation des Ergebnisses wurde durch Photographie bzw. Photokopieren des feuchten Filters erhalten. Sodann wurde der Filter getrocknet und so aufbewahrt. Die Färbung blieb erhalten, verblaßte jedoch etwas. Sie ließ sich durch Anfeuchten des Filters wieder intensivieren.

#### B e i s p i e l      22

Vergleich der Sensitivitäten und des Hintergrunds im DNA-Nachweis (Southern-Blot) bei Verwendung von a) nach Beispiel 14 mit Digoxigenin enzymatisch und b) mit Biotin enzymatisch markierter DNA.

I. Humane Plazenta-DNA wurde mit dem Restriktionsenzym EcoRI gespalten. Unterschiedliche Mengen davon wurden in einem Agarosegel elektrophoretisch aufgetrennt und anschließend nach der Methode von Southern (J. Mol. Biol. 98 (1975) 503) auf eine Nitrocellulose-Membran transferiert. Die DNA auf der Membran wurde durch 2 Stunden backen bei 80°C im Vakuumschrank fixiert. Die Membranen wurden mit einem markierten DNA-Fragment, das der cDNA des humanen Gewebs-Plasminogenaktivators entspricht (Pennica D. et al, Nature 301 (1983) 214) hybridisiert. Das humane Gewebs-Plasminogenaktivatorogen ist im menschlichen Genom einmal vorhanden. Die cDNA dieses Gens hybridisiert mit den entsprechenden Banden des Genoms. Zum einen wurde das DNA-Fragment wie in Beispiel 14 mit Digoxigenin markiert, mit 100 ng/ml markierter DNA wie in Beispiel 19 hybridisiert und wie in Beispiel 21 beschrieben die Hybride detektiert. Zum anderen wurde das Fragment im analogen Verfahren mit Biotin markiert. Dabei wurde Biotin 16-dUTP (Briegati et al., Virology 126 (1983) 32-50) eingesetzt. Die DNA auf der Membran wurde mit 50 µg/ml markierter DNA hybridisiert. Ansonsten wurde nach Beispiel 19 verfahren. Die Detektion erfolgte wie in Beispiel 21 beschrieben, mit der Ausnahme, daß ein Streptavidin-Alkalische Phosphatase-Konjugat verwendet wurde. Im Vergleich zu in der Literatur beschriebenen Verfahren zum Biotinsystem zeigte das hier beschriebene System zur Biotinmarkierung ("Random primed"-Markierung, Mischung Biotin 16-dUTP/dTTP, Prähybridisierung mit der im Beispiel 19 angegebenen Lösung, Hybridisierung mit der angegebenen Konzentration an DNA, Blockierung mit der im Beispiel 21 angegebenen Lösung) geringeren Hinter-

grund und höhere Sensitivität. Dennoch ist bei der beschriebenen Verwendung von Digoxigenin anstelle von Biotin im optimierten System eine deutliche weitere Reduktion des Hintergrundes gegeben, wobei die Sensitivität erhalten bleibt. (Fig. 8)

#### B e i s p i e l            23

Vergleich der Sensitivitäten im DNA-Nachweis (Southern-Blot) bei Verwendung von a) nach Beispiel 14 mit Digoxigenin enzymatisch und b) nach Beispiel 1 und 2 der europäischen Patentanmeldung 0173251 mit Digoxigenin chemisch markierter DNA.

pBR328 DNA wurde separat mit den Restriktionsenzymen BgII und HinflI gespalten. Die erhaltenen Fragmente wurden zu gleichen Teilen gemischt. Die Mischung enthält danach 15 pBR328-Fragmente der Größe: 2176, 1766, 1230, 1033, 653, 517, 453, 394, 298 (2x), 234 (2x), 220 und 154 (2x) bp.

Unterschiedliche Mengen der Fragmente wurden dann in einem Agarosegel elektrophoretisch aufgetrennt und anschließend nach der Methode von Southern (J. Mol. Biol. 98 (1975) 503) auf eine Nitrocellulosemembran transferiert. Nach Fixieren der DNA-Fragmente durch Erhitzen der Membran im Vakuum auf 80°C wurde diese mit 100 ng/ml nach Beispiel 14 mit Digoxigenin markierter DNA wie im Beispiel 19 beschrieben hybridisiert. Die Detektion der Hybride erfolgte exakt wie im Beispiel 21 beschrieben. Wie Fig. 9A in Verbindung mit Tabelle I zeigt, können Fragmente bis hinab zu einer Menge von 1 bis 0,1 pg nachgewiesen werden.

Als Vergleich wurde pBR328 DNA mit NciI gespalten. Es entstehen 10 Fragmente der Größe: 810, 724, 696, 597, 522, 507, 364, 351, 244 und 92 bp. Auch hier wurden unterschiedliche DNA-Mengen elektrophoresiert und anschließend nach Southern auf eine Nitrocellulosemembran transferiert. Die Membran wurde dann wie in Beispiel 19 beschrieben, hybridisiert. Es wurden allerdings hier 200 ng/ml wie in Beispiel 1 und 2 der EPA 0173251 markierte pBR322 DNA zur Hybridisierung eingesetzt. pBR328 DNA unterscheidet sich von der als Sonde eingesetzten pBR322 DNA lediglich durch das 810 bp große NciI-Fragment, welches pBR328 enthält, pBR322 dagegen nicht. Dieses wird also in der Hybridisierung nicht detektiert werden. Nach der Hybridisierung wurden die Hybride genauso wie im Beispiel 21 beschrieben detektiert. Wie Fig. 9B in Verbindung mit Tabelle II zeigt, können nach dieser Methode lediglich DNA-Fragmente bis zu einer Menge von 25 bis 2,5 pg nachgewiesen werden. Durch die enzymatische Markierung wird also im Vergleich zur chemischen Markierung eine um das Vielfache (Faktor 25) höhere Sensitivität der DNA-Detektion erreicht.

Tabelle I: Menge der DNA in den einzelnen Fragmenten einer Mischung von PBR 328-BgIII-Fragmenten

Fragmentgröße	125	25	5	1	aufgetragene Menge (pg) DNA
2167 bp $\cong$ 22,08	27,6*	5,5*	1,1*	0,22*	Menge in pg entsprechend der einzelnen Banden
1766 bp $\cong$ 17,99	22,5*	4,5*	0,9*	0,18*	
1230 bp $\cong$ 12,53	15,7*	3,1*	0,6*	0,12	
1033 bp $\cong$ 10,53	13,2*	2,6*	0,5*	0,1	
653 bp $\cong$ 6,65	8,3*	1,66*	0,3	0,07	
517 bp $\cong$ 5,27	6,6*				
453 bp $\cong$ 4,62		5,78*			
394 bp $\cong$ 4,01			5,0		

\* Banden, die auf dem Blot in Fig. 9A (feucht!) deutlich gefärbt sind.

Tabelle II: pBR328, NciI-Spaltung: Menge der DNA in den einzelnen Fragmenten in Abhängigkeit von der Gesamt-DNA Menge pro Bahn.

Fragment-Größe (bp)	Anteil, % der Gesamt-DNA	aufgetragene Menge DNA (pg)	100	200	1000	2000
810	16,5	16,5	33,0	165,1	330,1	
724	14,8 *	14,8 *	29,5 *	147,5 *	295,1 *	
696	14,2 *	14,2 *	28,4 *	141,8 *	283,7 *	
597	12,2 *	12,2 *	24,3 *	121,7 *	243,3 *	
522	10,6 *	10,6 *	21,3 *	106,4 *	212,8 *	
507	10,3 *	10,3 *	20,7 *	103,3 *	206,6 *	
364	7,4	7,4	14,8 *	74,2 *	148,4 *	
351	7,2	7,2	14,3 *	71,5 *	143,1 *	
244	5,0	5,0	9,9	49,7 *	99,4 *	
92	1,9	1,9	3,7	18,7 *	37,5 *	
Summe:			4907	100		

Die auf der feuchten Membran des Blots von Fig. 9B noch gut sichtbaren Fragmente sind mit \* markiert.

- 42 -

Beispiel 24

Nachweis von HPV-Sequenzen in fixierten HeLa- und SiHa-Zelllinien durch *in situ*-Hybridisierung.

Mit dem erfindungsgemäßen Verfahren kann die *in situ*-Hybridisierung mit Träger-fixierten Zellen und Zellabstrichen durchgeführt werden.

Für den nichtradioaktiven HPV-Nachweis wurden zwei Zelllinien verwendet:

SiHa-Zellen (2 - 3 Kopien HPV/Zelle) ATCC-Nr. HTB 35 (Biology 159 (1987) 389 - 398)

HeLa-Zellen (100 - 200 Kopien HPV/Zelle) ATCC-Nr. CCL 2 (Human Genetics 77 (1987) 251 - 255)

DNA-Probe:

HPV-DNA (Sequenz vgl. Progress med. Virol. 32 (1985) 15 ff.)

Markierungen:

Biotin-11-dUTP (Blugene nonradioaktive DNA detection kit, Best.-Nr. 8279SA der Fa. Gibco/BRL)

Digoxigenin-dUTP (hergestellt und markiert nach Beispiel 4 und 14).

<sup>35</sup>S-dATP (Amersham-Buchler, Best. Nr. SJ1304), spezifische Aktivität 1200 Curie/mmol

**ERSATZBLATT**

Hybridisierungs- und Waschbedingungen gemäß J. mol. Biol. 3 (1961) 585 ff.

Zellen der genannten Zelllinien werden auf HCl gereinigten (0,1 N HCl, 10 min bei 100°C in phosphate buffered saline (PBS)) gewaschen und anschließend auf UV-bestrahlten Objektträgern in Plastikkulturschalen ausgesät. Als Kulturmedium wurde hierzu minimal essential medium (MEM) mit 5 % an fötalem Kälberserum verwendet (MEM, PBS, SSC vgl. Science 130 (1959) 432 ff).

Nach Ausbildung eines halbkonfluenten Zellrasens wurden die Objektträger den Kulturschalen entnommen und mehrfach mit PBS gewaschen.

Dann schloß sich die Fixierung der Zellen auf der Glasoberfläche an. Hierzu wurde 4 % Paraformaldehyd verwendet (5 min bei Raumtemperatur, dann Waschen in 2 x SSC).

Die Hybridisierung erfolgte unter silikonisierten Deckgläsern. Hierzu wurde die DNA der HPV-Probe in Hybridisierungslösung (nicht-radioaktive Probe: 20 ng/Hybridisierungsbereich, Isotop-markierte Probe: 3 ng mit fünfmal  $10^5$  cpM/Hybridisierungsbereich) auf den Zellrasen gegeben. (Die Vorhybridisierung erfolgte wie in Beispiel 19 beschrieben). Nach Auflegen des Deckgläschens wurde dieses versiegelt (z.B. mit Fixogum<sup>R</sup> von Marabu). Die Denaturierung der DNA in den Zellen und der DNA-Probe erfolgte dann durch Auflegen des Objektträgers auf einen Heizofen für 3 bis 5 Minuten. Hierbei wurde eine Temperatur von 90 - 92°C auf dem Objektträger mittels eines Temperaturfühlers gemessen. Die Objektträger werden dann kurz auf Eis gelegt und anschließend über Nacht in einer feuchten Kammer (2 x SSC) inkubiert.

- 44 -

Nach Ablösen der Deckgläser wurde mit 2 x SSC, 0,1 % SDS, 2 x 15 min bei Raumtemperatur und 0,2 x SSC, 0,1 % SDS, 2 x 15 min bei 52°C gewaschen.

Im Falle der nicht-radioaktiven Systeme wurde dann nach Beispiel 21 bzw. im Biotinsystem (vgl. Arbeitsanleitung des BRL-Kits: Blocken mit 3 % Rinderserumalbumin, Zugabe eines Konjugats aus Streptavidin und alkalischer Phosphatase sowie Substratmischung) gearbeitet. Im Digoxigenin-System wurde entsprechend Beispiel 21 verfahren. Die Enzymreaktion wurde bis zu 48 Stunden beobachtet.

Als Probe wurde Digoxigenin-markiertes Subfragment des Genoms von HPV Typ 18 (PNAS 80 (1983) 3812-3815, New Engl. J. of Med. 310 (1984) 880-883) verwendet. Es zeigt sich, daß mit dem Digoxigeninsystem in HeLa-Zellen deutlich die Anfärbung des Kernbereichs zu erkennen ist. Nach DNase-Verdau vor Hybridisierung bleibt nur ein geringer unspezifischer Hintergrund. Das Weglassen der markierten Probe führt zu keiner Anfärbung. Auch bei SiHa-Zellen, die lediglich zwei bis drei Kopien HPV pro Zelle ins Genom integriert haben, gelingt der HPV-Nachweis über Nacht. Auch bei diesen Zellen wird vorwiegend der Kernbereich angefärbt. DNase-Verdau führt zu geringem Hintergrund. Das Weglassen der markierten Probe führt zu ungefärbten Zellen.

Anders ist die Situation bei Verwendung von Biotin-markierten Proben. Das Biotin-System führt zwar zu einer schwachen Anfärbung von HeLa-Zellen mit SiHa-Zellen, wird jedoch vorwiegend unspezifisch das Cytosol angefärbt. Der Kernbereich ist nur wenig angefärbt. Die Unspezifität des Biotin-Nachweissystems zeigt sich auch darin, daß die gleiche Anfärbung des Cytosols auch ohne

- 45 -

Biotin-markierter Probe, jedoch nach Zugabe allein eines Streptavidin-alkalische-Phosphatase-Konjugats und des entsprechenden Farbstoff-Systems erfolgt.

Mit radioaktiv markierten  $^{35}\text{S}$ -Proben ist zwar der HPV-Nachweis in HeLa- und SiHa-Zellen möglich, jedoch ist dazu eine Autoradiographie von 2 - 3 Wochen notwendig.

Bei *in situ*-Hybridisierung an fixierten Zellen hat das erfindungsgemäße Verfahren gegenüber dem Verfahren unter Verwendung von radioaktiv markierten Proben den Vorteil der Zeitersparnis gegenüber dem Verfahren unter Verwendung von Biotin-markierten Proben den Vorteil der höheren Sensitivität und deutlich höherer Spezifität.

Neben *in situ*-Hybridisierung in fixierten Zellen ist mit dem erfindungsgemäßen System ebenfalls ein HPV-Nachweis in Gewebsabstrichen, z.B. in HPV-infiziertem Gewebe aus dem Vagina-Bereich, möglich.

#### Beispiel 25

##### Nachweis von SUP 6 tRNA durch Colony-Hybridisierung

Ein 750 bp BamHI-Fragment von SUP 6 tRNA (Science 209 (1978), 1396-1460) aus *Saccharomyces cerevisiae* wurde in pUC19 (Gene 133 (1985), 103-119) kloniert und in *E.coli* HB 101 (DSM 1607) transformiert. Als Kontrolle wurde der pUC19-Vektor allein in *E.coli* HB 101 transformiert. Danach wurden abwechselnd Insert-haltige Bakterien neben Kontroll-Transformanten auf Nitrocellulose aufgestrichen. Nach Inkubation für 5 Stunden bei 37°C auf Agarplatten mit Nährmedium wurden die *E.coli*-Zellen alkalisch behandelt, gewaschen und die freigesetzte DNA

- 46 -

durch cross-linking bei 354 nm die Membran fixiert. Anschließend erfolgte wiederum Waschen für 3 Stunden bei 50°C, Vorhybridisierung und Hybridisierung analog Beispiel 19 mit Digoxigenin-markiertem SUP tRNA-BamHI-Fragmenten (Herstellung analog Beispiel 14). Für die anschließende Detektion ist eine Stunde ausreichend.

Die Insert-haltigen Bakterien geben jeweils eindeutige Signale, die Kontrolltransformanten werden nicht detektiert. Längere Detektionszeiten verstärken die positiven Signale, die Kontrolltransformanten bleiben jedoch auch bei längerer Detektion hintergrundfrei.

#### Beispiel 26

##### In situ-Hybridisierung von Lambda Plaques

Lambda gt10-Phagen (Mol.Gen.Genet. 150 (1977), 53) mit einer vollständigen cDNA von humaner Urokinase als Insert wurden auf Indikatorplatten inkubiert, so daß auf einer Platte ca. 500 einzelne Plaques sichtbar waren. Auf eine weitere Platte wurde eine Mischung aus Urokinase-Rekombinaten und einer gleichen Phagenmenge, bestehend aus einer heterogenen Population einer Genbank ausplattiert. Diese Platte diente als Kontrolle, denn nur die Urokinase-Rekombinanten sollten mit einer Urokinase cDNA als Hybridisierungsprobe ein positives Signal geben. Von allen Platten wurden zwei Nitrocellulose-Abkätsche, wie in Science 196 (1977), 180 beschrieben, hergestellt und hybridisiert.

Die Probe wurde dadurch hergestellt, daß 12 ug eines Plasmids, welches die humane Urokinase cDNA enthält, mit PstI verdaut wurde. Dabei entsteht ein 1,1 Kb-Teil-

**ERSATZBLATT**

fragment der cDNA, welches durch Elektrophorese eluiert wurde (Ausbeute etwas 2 ug).

Die Markierung des Teilfragments erfolgt analog Beispiel 14. Die Vorhybridisierung und Hybridisierung der Filter erfolgt analog Beispiel 19. Die weiteren Detektionsschritte erfolgen analog Beispiel 21.

Es zeigte sich, daß die Filter der Platten, die nur Urokinase-rekombinante Phagen enthielten, ein positives Signal für alle Plaques gaben, die auch im zweiten Abklatsch gut sichtbar waren. Im Falle der Mischung waren lediglich so viele positive Signale zu sehen, wie rekombinante Phagen zugesetzt wurden. Die Lambda-Phagen mit anderen Inserts gaben kein positives Signal.

### Beispiel 27

Northern-blot-Hybridisierung (Nachweis von Actin-mRNA aus Hefe)

Das erfindungsgemäße System ist auch zum sensitiven und spezifischen Nachweis von RNA in Northern-blots geeignet. Um dies zu demonstrieren, wurde Actin-mRNA in Gesamt-Hefe-RNA (*Saccharomyces cerevisiae*) nachgewiesen. Das Actin-Gen (PNAS 77 (1980), 3912-3916) besteht aus zwei Exons und einem Intron. Bei der Transkription entsteht zunächst Vorläufer-mRNA (1679 Basen). Nach Capping, Splicing und Polyadenylierung (Durchführung wie in Meth. in Enzymol. 65 (1980) 380-391 und PNAS USA 77 (1980) 5201-5205 beschrieben) entsteht gereifte mRNA mit einer Länge von ca. 1400 Basen (1370 Basen + PolyA).

- 48 -

Danach erfolgt Transfer auf Nitrocellulose wie in T. Maniatis et al. "Molecular cloning" Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, New York (1982) beschrieben. Die Vor- und Haupthybridisierung und Detektion (18 Stunden) erfolgt wie in Beispiel 19 beschrieben. Zur Detektion wurde eine Digoxigenin-markierte Actin-spezifische Probe, welche aus einem 2,3 kB-Actin-EcoRI/-HindIII-Fragment des Actin-Gens bestand, verwendet.

Beispiel 28

Nachweis von Hepatitis B-Virus (HBV) in Humanseren durch Slot-blot-Analyse

Das Hepatitis B-Virus hat ein ca. 32 kb großes zirkuläres Genom, das aus zwei linearen komplementären Strängen aufgebaut ist. Das 3'-Ende des einen Strangs ist variabel. Die 5'-Enden der beiden komplementären Stränge sind gegeneinander versetzt. Für den HBV-Nachweis auf DNA-Basis wurde ein Digoxigenin-markiertes 1,8 kb BamHI-Fragment (Herstellung nach Beispiel 14) als Probe verwendet, das den doppelsträngigen Bereich Core-Antigen sowie Teile des Prae-S1-, Prae-S2- und X-Antigens enthält (Position 1,4 - 3,2 kb). Parallel zum Digoxigenin-nachweis wurden Biotin - (vgl. Beispiel 24) und <sup>32</sup>P-markierte Proben (Markierung analog Arbeitsanweisung des BRL-Kits, vgl. Beispiel 24) verwendet.

Die untersuchten Humanseren sind auf Basis der immunologischen Marker HB<sub>s</sub>Ag, HB<sub>c</sub>Ag, Anti-HB<sub>s</sub> und Anti-HB<sub>c</sub> als positiv oder negativ eingestuft.

**ERSATZBLATT**

**Serum-Vorbereitung:**

Für eine Doppelbestimmung werden 100 µl zentrifugiertes Serum mit 300 µl 0,5 M NaOH versetzt. Nach 5 minütiger Inkubation bei Raumtemperatur wird erneut 5 min zentrifugiert. Jeweils 200 µl des Überstands werden in einen Kammschlitz des Minifold<sup>R</sup>-Geräts pipettiert und dann Vakuum angelegt.

**Vorbereitung des Nylon-Filters:**

Biodyne Nylon-Membran (1,2 µm Porengröße) (Pall Bio Support Div. Glen Cove, N.Y.) wird auf Kammergröße zugeschnitten und folgendermaßen vorbereitet:

5 min in destilliertem Wasser eingelegt

15 min in 10 x SSC

5 min unter Wärmelampe auf Whatman<sup>R</sup>-Papier getrocknet.

Auflegen auf 10 x SSC-getränktes Whatman<sup>R</sup>-Papier und Einlegen in Minifold<sup>R</sup>-Apparatur.

Die Probensammelplatte wird dann auf das Filter gelegt, festgeklemmt, und anschließend werden die Seren gespotet.

**Weiterbehandlung des Filters:**

Die Filter werden aus dem Minifold<sup>R</sup>-Gerät entnommen und für jeweils 5 min auf 10 x SSC, 5 x SSC und 1 x SSC aufgelegt. Anschließend wird unter einer Wärmelampe getrocknet und für 2 Stunden bei 80°C im Vakuum gebacken.

- 50 -

Die Vorhybridisierung und Hybridisierung erfolgt analog Beispiel 19.

Die Herstellung der radioaktiven Probe erfolgt wie in der Arbeitsanleitung des Sp6/T7 Transcription kit von BOEHRINGER MANNHEIM GMBH, Best.-Nr. 999644, beschrieben.

Praehybridisierung, Hybridisierung, Waschen und Entwickeln für die  $^{32}\text{p}$ -Probe erfolgt wie in Maniatis (supra) beschrieben.

Es zeigt sich, daß mit dem erfindungsgemäßen Verfahren Signale im Slot-blot nur mit den positiven, nicht jedoch mit den negativen Seren erhalten werden. Die Kontrollreaktionen mit immunisiertem Serum sind ebenfalls negativ. Der Vergleich mit entsprechendem radioaktiven Nachweis zeigt analoge Spezifität. Im Biotin-System dagegen ist deutlich erhöhter Hintergrund zu sehen.

Der HPV-Nachweis mit dem erfindungsgemäßen Verfahren ist sehr empfindlich. In einer Verdünnungsreihe können HPV-Sequenzen bis zu einer Serumverdünnung von  $10^{-4}$  bis  $10^{-5}$  nachgewiesen werden. Dies entspricht der Sensitivität im radioaktiven System. Die entsprechenden Negativ-Seren ergeben im nicht-radioaktiven System bei keiner Verdünnung ein Signal. Auch in der Verdünnungsreihe ist im Biotinsystem ein deutlicher Hintergrund zu sehen.

**ERSATZBLATT**

- 51 -

Beispiel 29

Digoxigenin-markiertes dUTP wird in der polymerase chain reaction (PCR, analog EP-A 0200362) zur Markierung amplifizierter DNA eingesetzt.

Als sample wird verwendet: Plasmid pBR 322

Primer 1: 5'-GCTCCCTCGTGCCTCTCCTGT-3'

Primer 2: 5'-CCGCCTACATACCTCGCTCTGC-3'

10 pg sample, 300 ng primer 1, 300 ng primer 2, je 1 mmol/l dATP, dCTP, dGTP, dTTP, 0,1 mmol/l Digoxigenin-dUTP in 67 mmol/l Tris-HCl pH 8,8, 6,7  $\mu$ mol/l  $MgCl_2$ , 16,6 mmol/l Ammoniumsulfat, 1 mmol/l Mercaptoethanol und 0,17 mg/ml Rinderserumalbumin werden 2 min bei 95°C denaturiert und 3 min bei 40°C hybridisiert. Danach werden 6 U Thermus aquaticus DNA-Polymerase zugegeben und 3 min bei 65°C inkubiert (Polymerisierung). (Das Volumen der Reaktion beträgt 50 Mikroliter, die Konzentrationsangaben beziehen sich auf dieses Reaktionsvolumen). Insgesamt wurden 25 Zyklen (Denaturierung, Hybridisierung, Polymerisierung) durchgeführt.

Anschließend werden je 1/5 der Reaktionsansätze in 0,8 % Agarose-Gel aufgetrennt und nach der Methode von Southern (J.Mol.Biol. 98 (1975) 503) auf Nylonmembranen (z.B. Hybond-N, Amersham) transferiert. Alternativ werden Verdünnungen von 1:10 bis 1:10<sup>5</sup> auf Nylonmembranen aufgetropft und fixiert. Blockierung der Filter, Konjugatreaktionen und Färbung werden analog Beispiel 21 durchgeführt.

**ERSATZBLATT**

## P a t e n t a n s p r ü c h e

1. Verfahren zum Nachweis von Nukleinsäuren definierter Sequenz durch Hybridisierung mit einer komplementären Nukleinsäure-Sonde, die über eine chemische Verbindung mindestens ein Hapten als Markierung gebunden enthält, **d a d u r c h** **g e k e n n z e i c h n e t**, daß man als Hapten ein Steroid verwendet, das an mindestens eine Position der Nukleinsäure-Sonde, die nicht an der Wasserstoffbrückenbildung beteiligt ist, über eine Brücke von mindestens 4 Atomen Länge gebunden ist und die hybridisierte Sonde über einen seinerseits markierten Anti-Hapten-Antikörper nachweist.
2. Verfahren nach einem der Ansprüche 1, **d a d u r c h** **g e k e n n z e i c h n e t**, daß man als Steroid Digoxigenin oder Digoxin verwendet.
3. Verfahren nach Anspruch 1 oder 2, **d a d u r c h** **g e k e n n z e i c h n e t**, daß das Hapten über eine Brücke von 4 bis 32 Atomen Länge an die Probe gebunden vorliegt.
4. Verfahren nach Anspruch 3, **d a d u r c h** **g e k e n n z e i c h n e t**, daß das Hapten über eine Brücke von 11 bis 16 Atomen Länge an die Probe gebunden vorliegt.
5. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 4, **d a d u r c h** **g e k e n n z e i c h n e t**, daß die Brücke hydrophile Gruppen trägt.

**ERSATZBLATT**

6. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 5, durch gekennzeichnet, daß die Brücke linear ist.
7. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 6, durch gekennzeichnet, daß die Brücke eine verzweigte Kette darstellt und mindestens an einem der Kettenenden ein Haptenmolekül enthält.
8. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 7, durch gekennzeichnet, daß das Hapten über die Brücke an eine Base oder den Ribose-Anteil der Nukleinsäuresonde gebunden ist.
9. Verfahren nach Anspruch 8, durch gekennzeichnet, daß das Hapten über die Brücke an die C<sub>5</sub>-Position von Uracil oder Cytosin oder an die C<sub>8</sub>-Position von Adenin oder Guanin gebunden ist.
10. Verfahren nach Anspruch 8, durch gekennzeichnet, daß das Hapten über die Brücke an die 2'-Position der Ribose gebunden ist.
11. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 10, durch gekennzeichnet, daß die Verbindung zwischen Hapten und Brücke eine Ester-, Amid- oder Etherbindung ist.
12. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 11, durch gekennzeichnet, daß eine Nukleinsäure-Sonde verwendet wird, deren

Hapten in die Nukleinsäure-Sonde enzymatisch mit Hilfe von DNA-Polymerasen, RNA-Polymerasen, Reversen Transkriptasen oder Terminalen Transferasen und entsprechenden Hapten-modifizierten Desoxy- oder Ribonukleosidtriphosphat-Substraten eingebaut wurde.

13. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 11, dadurch gekennzeichnet, daß eine Nukleinsäure-Sonde verwendet wird, deren Hapten in die Nukleinsäure-Sonde photochemisch mit Hilfe von Photo-Hapten eingebaut wurde.
14. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 11, dadurch gekennzeichnet, daß eine Nukleinsäure-Sonde verwendet wird, deren Hapten in die Nukleinsäure-Sonde chemisch im Rahmen der Oligo-Desoxyribonukleotid-Synthese durch Einbau geschützter, mit substituierbaren Aminofunktionen modifizierter Nukleosidphosphoamidite und - nach Entfernung der Schutzgruppen - durch Umsetzung des modifizierten Oligo-Desoxyribonukleotids mit aktivierten Estern, Amiden oder Ethern des Haptens eingebaut wurde.
15. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 14, dadurch gekennzeichnet, daß als Markierung des Anti-Hapten-Antikörpers eine Enzymmarkierung, radioaktive Markierung, Fluoreszenzmarkierung oder (Bio-)Luminiszenzmarkierung verwendet wird.

16. Verfahren nach Anspruch 15, durch gekennzeichnet, daß für die Enzymmarkierung des Anti-Hapten-Antikörpers als Markierungsenzyme Alkalische Phosphatase, Peroxidase oder  $\beta$ -Galactosidase verwendet wird.
17. Verfahren nach Anspruch 16, durch gekennzeichnet, daß die Bestimmung der katalytischen Aktivität der Markierungsenzyme über ein Redoxsystem erfolgt.
18. Verfahren nach Anspruch 16 oder 17, durch gekennzeichnet, daß die Bestimmung der katalytischen Aktivität der Markierungsenzyme über Leukosysteme erfolgt.
19. Verfahren nach einem der Ansprüche 16 bis 18, durch gekennzeichnet, daß die Bestimmung über indigoide Systeme als oxydierbare Verbindungen und Tetrazoliumsalze als Oxydationsmittel erfolgt.
20. Verfahren nach Anspruch 19, durch gekennzeichnet, daß man als Markierungsenzym Alkalische Phosphatase verwendet und die Bestimmung über das Redoxsystem X-Phosphat/-Nitroblau-Tetrazolium erfolgt.
21. Verfahren nach einem der vorhergehenden Ansprüche, durch gekennzeichnet, daß die nachzuweisenden Nukleinsäuren durch *in situ*-Hybridisierung in auf Objektträgern fixierten Zellen nachgewiesen werden.

22. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 20, durch gekennzeichnet, daß die nachzuweisenden Nukleinsäuren durch *in situ*-Hybridisierung in Gewebsabstrichen nachgewiesen werden.

一  
五

Dig - 11 (16) - dUTP

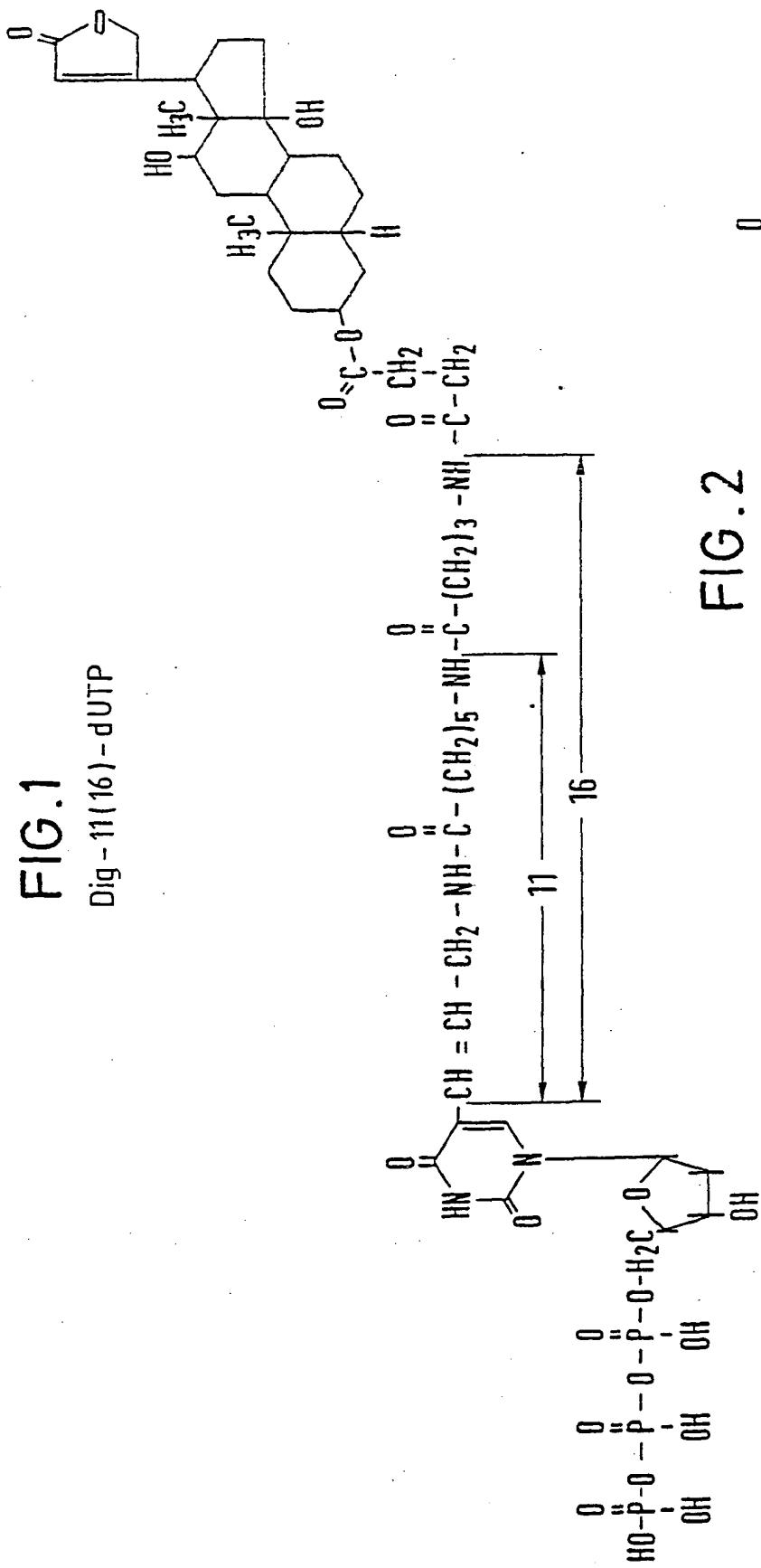
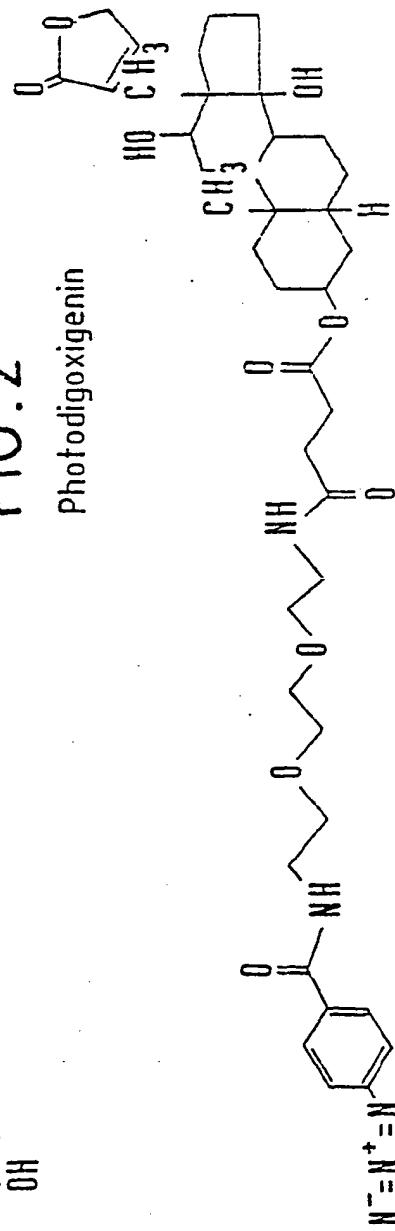


FIG. 2

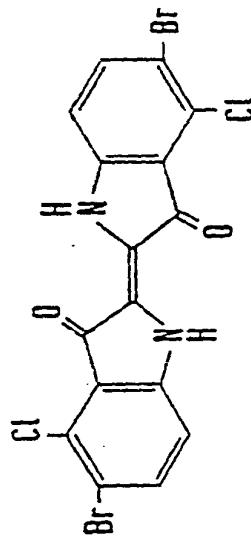
## Photodioxigenin



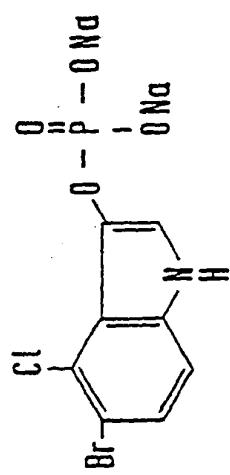
2/12

3.  
E  
I

5 - Brom - 4 - chlor - 3 - indolylphosphat - Na<sub>2</sub>



blau

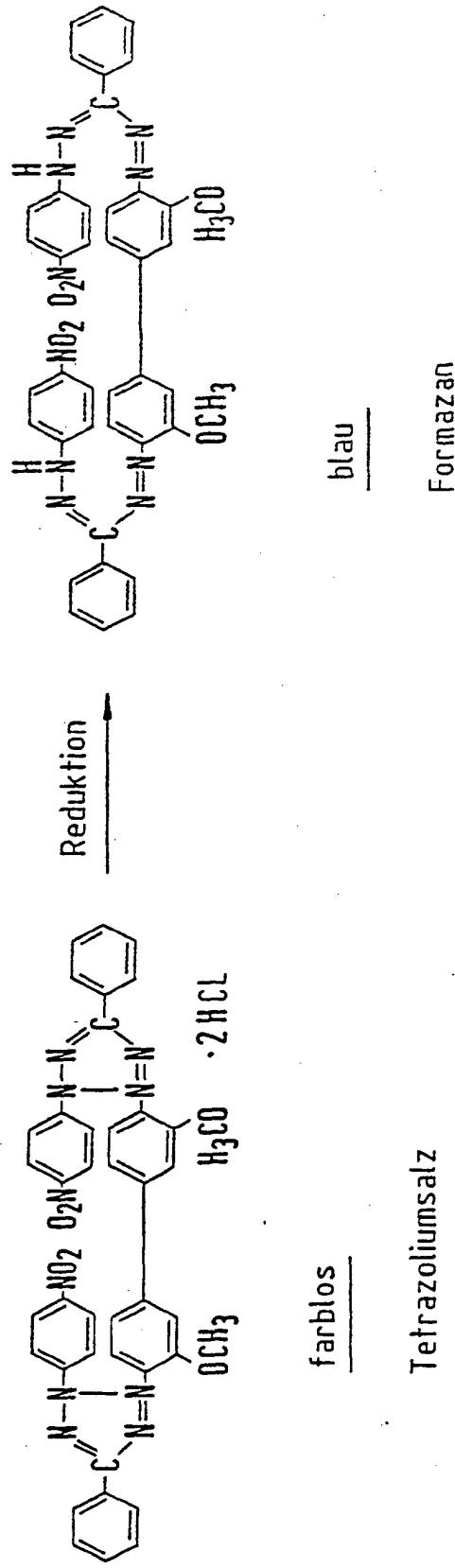


farblos

3/12

## zu FIG. 3

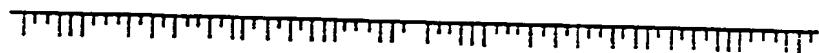
Nitrotetrazolium Blue (NBT)  
 Syn.: 3,3'-(3,3'-Dimethoxy-4,4'-biphenylene)-bis-[5-phenyl-2-(4-nitrophenyl)-tetrazolium chloride]



4/12

## FIG. 4

## Hochsensitiver DNA-Nachweis

lineare denatu-  
rierte DNA

+random Hexanucleotide



+dATP, dCTP, dGTP, dTTP

+ Klenow

+ Dig-11-dUTP

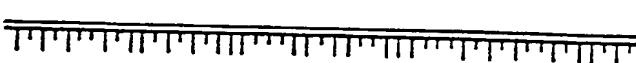


Inkubation 37C

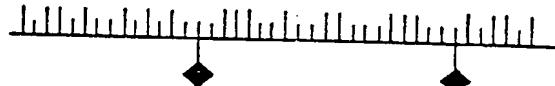


DNA Synthese/Markierung

Filter gebundene DNA



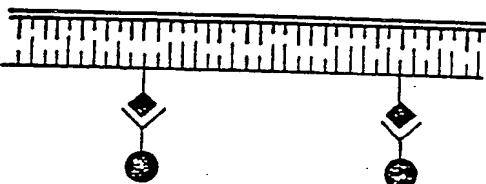
+markierte denaturierte DNA



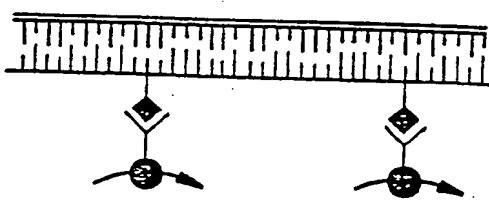
= Hybrid

+ Antikörper-Konjugat  
< Dig > AP

gebundener Antikörper



Farbreaktion



rote/blaue Farbe

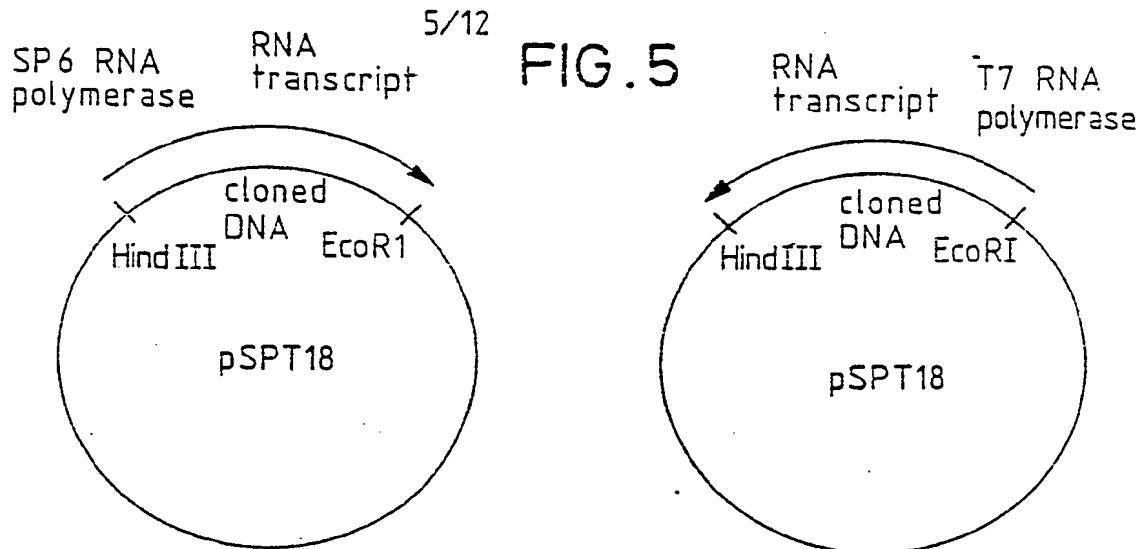
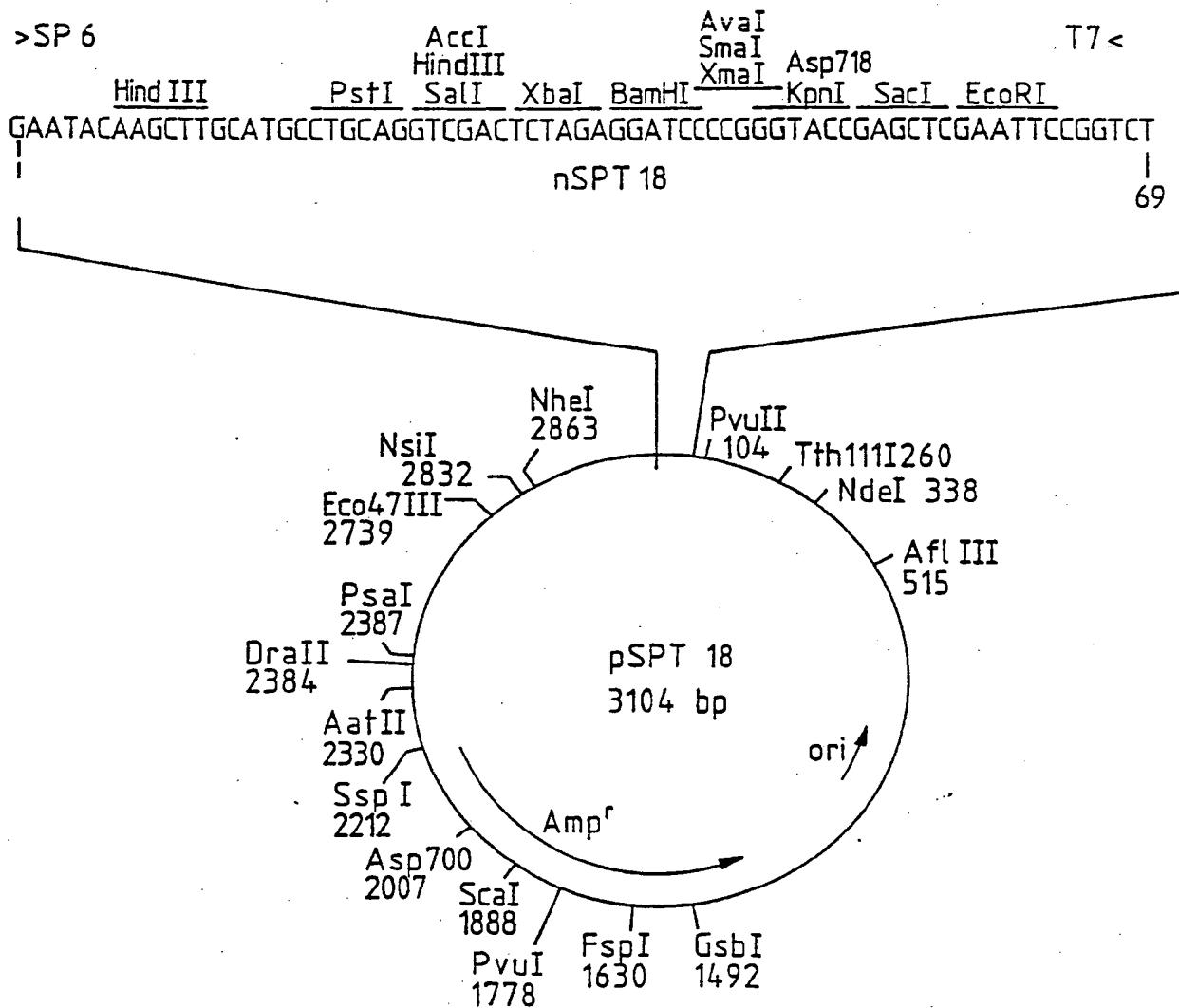


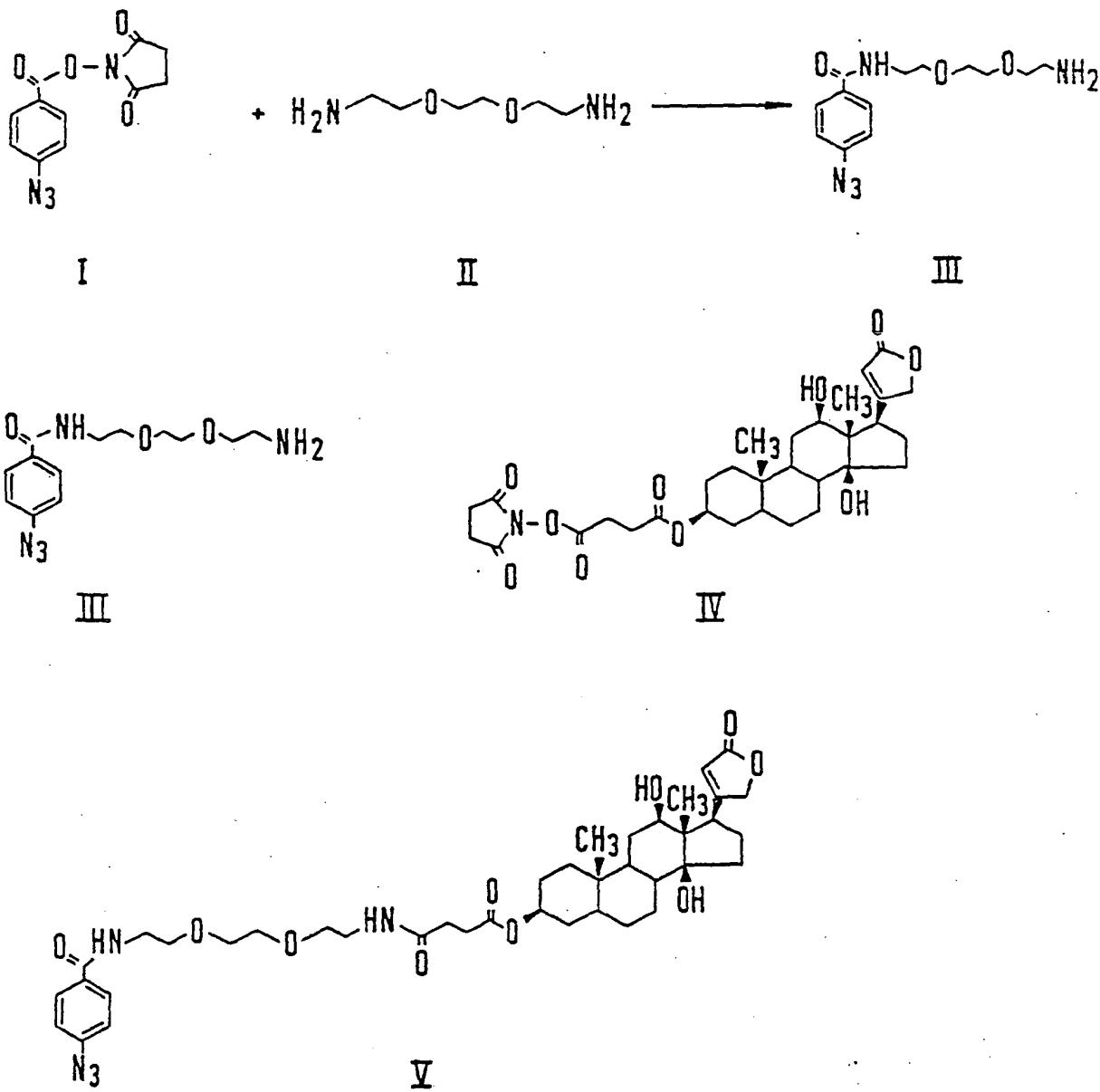
FIG. 6



6/12

## FIG. 7

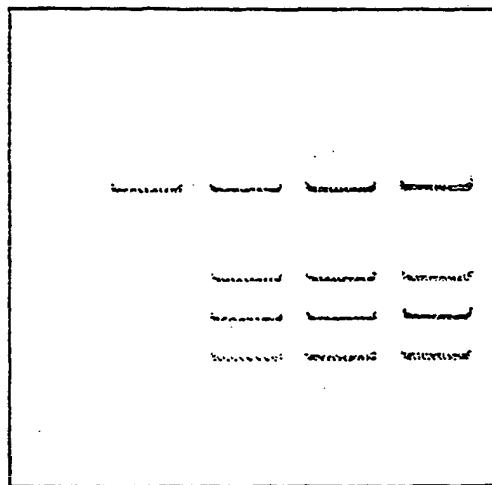
Syntheseschema für Digoxigenin-3-hemisuccinat-/-  
N'-(4-azidobenzoyl)-/-8-amino-3,6-dioxaoctylamid (Photodigoxigenin)



7/12

**FIG. 8**

Vergleich der Sensitivitäten von Digoxigenin und Biotin

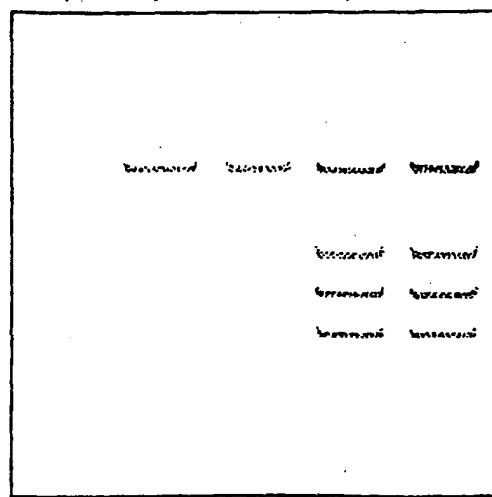
Digoxigenin0,1 0,5 1 2,5 5  $\mu$ g Placenta-DNA (EcoRI)

-9kb

-4,6kb (2,9kb=1,746)

-3,5kb

-2,9kb

Biotin0,1 0,5 1 2,5 5  $\mu$ g Placenta-DNA (EcoRI)

-9kb

-4,6kb (2,9kb + 1,7kb)

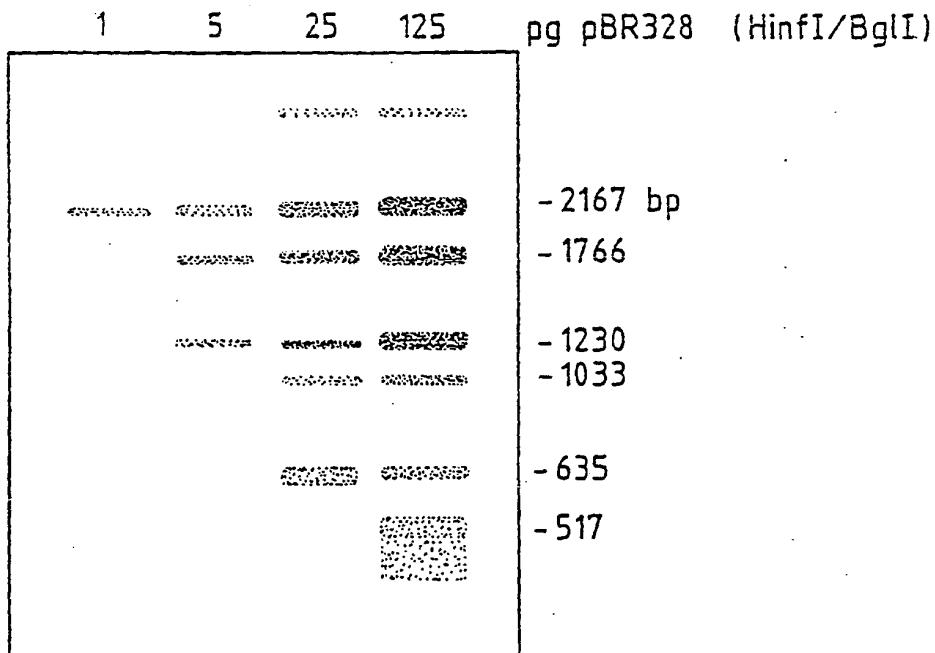
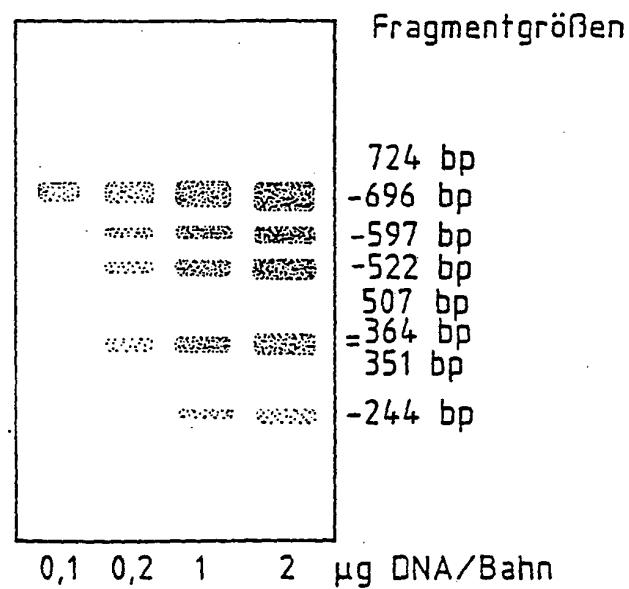
-3,5kb

-2,9kb

8/12

**FIG.9**

Vergleich der Sensitivitäten einer erfindungsgemäßen enzymatischen Markierung (A) mit einer bekannten chemischen Markierung (B)

**FIG.9A****FIG.9B**

9/12

**FIG.10**

DNA-Sequenz(A) und Restriktionskarte(B) des Plasmids pSPT18

**FIG.10A**

1 GAATACAAGC TTGCATGCCT GCAGGGCGAC TCTAGAGGAT CCCCCGGTAC  
51 CGAGCTCGAA TTCCGGTCTC CCTATAGTGA GTCGTATTAA TTTCCATAAG  
101 CCAGCTGGCC CTCCGGCGTT TCGGTGATGA CGGTGAAAAC CTCTGACACA  
151 TGCAGCTCCC GGAGACGGTC ACAGCTTGTG TGTAAGCGGA TGGCCGGAGC  
201 AGACAAGCCC GTCAGGGCGC GTCAGGGGT GTTGGCGGGT CTCCGGGCC  
251 AGCCATGACC CAGTCACGTA CGGATAGCGG AGTGTATATA CTGGCTTAAC  
301 TATGCGGCAT CAGAGCAGAT TGTACTGAGA GTGCACCATA TCCGGTGTGA  
351 AATACCGCAC AGATGCGTAA GGAGAAAATA CCCATCAGG CGCTCTTCCG  
401 CTTCCCTCGCT CACTGACTCG CTGGCGCTCG TCCTTCCGGT CCCCCGAGCG  
451 GTATCAGCTC ACTCAAAGGC GGTAATAACGG TTATCCACAG AATCAGGGCA  
501 TAACGGCAGGA AAGAACATGT GAGCAAAAGG CCAGCAAAAG CCCAGGAACC  
551 GTAAAAAGCC CGCCTTGCTG GCGTTTTCC ATAGGCTCCG CCCCCCTGAC  
601 GAGCATCACA AAAATCGACG CTCAAGTCAG AGGTGGCGAA ACCCGACAGG  
651 ACTATAAAGA TACCAGGGT TTCCCCCTCG AAGCTCCCTC GTGGCCCTC  
701 CTGTTCCGAC CCTCCCGCTT ACCGGATAACC TGTCCGCCTT TCTCCCTTCG  
751 CGAACGGTGG CGCTTTCTCA ATGCTGACCC TGTAGGTATC TCAGTTGGT  
801 GTAGGTGCTT CGCTCCAAGC TGGGCTGTGT GCACGAACCC CCCGTTCAAGC  
851 CCGACCGCTG CGCCTTATCC GGTAACTATC GTCTTGACTC CAACCCGGTA  
901 AGACACGGACT TATGCCACT GGCAGCAGCC ACTGGTAACA GGATTAGCAG  
951 AGCCAGGTAT GTAGGCCGTG CTACAGAGTT CTTGAAGTGG TGGCCTAACT  
1001 ACGGCTACAC TAGAAGGACA GTATTTGGTA TCTGGCTCT GCTGAAGCCA  
1051 GTTACCTTCCG GAAAAAGAGT TGGTACCTCT TGATCCGGCA AACAAACCAC  
1101 CGCTGGTAGC GGTGGTTTT TTGTTGCAA GCAGCAGATT ACGCCAGAA  
1151 AAAAAGGATC TCAAGAAGAT CCTTGATCT TTTCTACGGG GTCTGACGCT  
1201 CAGTGGAACG AAAACTCACG TTAAGGGATT TTGGTCAATGA GATTATCAAA

10/12

## Fortsetzung FIG.10A

1251 AAGGATCTTC ACCTAGATCC TTTAAATTA AAAATGAAGT TTTAAATCAA  
1301 TCTAAACTAT ATATGAGTAA ACTTGGTCTG ACAGTTACCA ATGCTTAATC  
1351 ACTGAGGCAC CTATCTCAGC GATCTGTCTA TTTCTTCAAT CCATAGTTGC  
1401 CTGACTCCCC GTCTGTACA TAACTACCGAT ACGGGAGGGC TTACCATCTG  
1451 GCCCCAGTGC TCCAATGATA CGGGGAGACC CACGGTCACC GGCTCCAGAT  
1501 TTATCAGCAA TAAACCAGCC AGCCGGAGG GCGGAGGCCA GAACTGGTCC  
1551 TGCAACTTTA TCCGCCTCCA TCCAGTCTAT TAAITGGTGC CGGGAAAGCTA  
1601 GAGTAAGTAG TTGGCCAGTT AATAGTTTGC GCAACGTTGT TGCCATTGCT  
1651 ACAGGCATCG TGGTGTCAAG CTGGTCTTTT CGTATGCCCT CATTCAAGCTC  
1701 CGGTTCCCAA CGATCAAGGC GAGTTACATG ATCCCCCATG TTGTGCAAAA  
1751 AAGCCGTTAG CTCCCTGGT CCTCCGATCG TTGTAGAAG TAAGTTGGCC  
1801 GGAGTGTAT CACTCATGGT TATGGCAGCA CTGGATAATT CTCTTACTGT  
1851 CATGCCATCC GTAAGATGCT TTCTGTGAC TGGTGAGTAC TCAACCAAGT  
1901 CATTCTGAGA ATAGTGTATG CGGGGACCGA TTGGCTCTTG CCCGGCGTCA  
1951 ATACGGGATA ATACCGGCC ACATAGCAGA ACTTTAAAAG TGCTCATCAT  
2001 TCGAAAACGT TCTTCGGGGC GAAAACCTCTC AAGGATCTT ACGCTGTG  
2051 GATCCAGTTC GATGTAACCC ACTCGTGCAC CGAACGTGATC TTCAAGCATCT  
2101 TTTACTTTCA CCAGCGTTTC TGGTGTGAGCA AAAACAGGAA CGCAAAATGCC  
2151 CGCAAAAAAAG CGAATAAGGG CGACACGGAA ATGTTGAATA CTCATACTCT  
2201 TCCTTTTCA ATATTATTGA AGCATTTATC AGGGTTATTG TCTCATGAGC  
2251 GGATACATAT TTGAATGTAT TTGAAAAAT AAACAAATAG CGGTTCCGCG  
2301 CACATTTCCC CGAAAAGTGC CACCTGACGT CTAAGAAACC ATTATTATGA  
2351 TGACATTAAC CTATAAAAAT AGGGTATCA CGAGGCCCTT TCCCTCTCGCG  
2401 CGTTTCGGTG ATGACGGTCA AAACCTCTGA CACATGCAGC TCCCCGGAGAC  
2451 CGTCACAGCT TGTCTGTAAG CGGATGCCGG GAGCAGACAA CGCCGTCAGG  
2501 CGCCGTCAGC GGGTGTGGC GGGTGTGGG GCTGGCTTAA CTATGGGCA  
2551 TCAGAGCAGA TTGTACTGAG AGTGCACCAT ATCGACGGCTG TCCCTTATGC  
2601 GACTCCTGCA TTACGAAGCA GCCCAGTAGT AGGTTGAGGC CGTTGAGCAC  
2651 CGCCGGCGCA AGGAATGGTG CATCCAAGGA GATGGCCCCC AACAGTCCCC  
2701 CGGGCACGGG CCTGCCACCA TACCCACGCC GAAACAAGGG CTCATGAGCC  
2751 CGAAGTGGCG AGCCCCATCT TCCCCATCGG TCAATGTGGC GATATAGGCC  
2801 CCAGCAACCG CACCTGTGGC GCGGGTGTGATG CGGGCCACGA TCCGTCCGGC

11/12

## Fortsetzung FIG. 10A

2851 GTAGAGGATC TGGCTAGCGA TGACCCCTGCT GATTGGTTCG CTGACCATT  
2901 CCGGGTGCAG GACGGCGTTA CCAGAAACTC AGAAGGGTTCG TCCAACCAAA  
2951 CCGACTCTGA CGGCAGTTA CGAGAGAGAT GATAGGGTCT GCTTCAGTAA  
3001 GCCAGATGCT ACACAATTAG GCTTGTACAT ATTGTCTTA GAACGGGGCT  
3051 ACAATTAAATA CATAACCTTA TGTATCATAAC ACATACGGATT TAGGTGACAC  
3101 TATA

12/12

# FIG. 10 B

## pSPT18 Restriktionskarte

Zahl der Schnittstellen

Enzyme		Position der Schnittstellen				
<i>Ava</i> II	2	1546	1768			
<i>Bgl</i> I	2	106	1528			
<i>Eco</i> 31I	2	71	1469			
<i>Fin</i> I	2	2699	2908			
<i>Hgi</i> EII	2	335	1096			
<i>Sph</i> I	2	17	2674			
<i>Apy</i> I	3	543	664	677		
<i>Ban</i> II	3	56	2750	2764		
<i>Bbe</i> I	3	2688	2801	2822		
<i>Cfr</i> 10I	3	1488	2821	2830		
<i>Dra</i> I	3	1274	1293	1985		
<i>Eae</i> I	3	1796	2702	2832		
<i>Eco</i> 57I	3	1063	2075	2977		
<i>Eco</i> RII	3	541	662	675		
<i>Gdi</i> II	3	1796	2701	2832		
<i>Hae</i> I	3	528	539	991		
<i>Mme</i> I	3	730	914	2966		
<i>Nar</i> I	3	2685	2798	2819		
<i>Tth</i> 111II	3	1105	1112	1144		
<i>Apa</i> LI	4	331	829	2075	2572	
<i>Bsp</i> HI	4	1235	2243	2348	2742	
<i>Aha</i> II	5	1945	2327	2685	2798	2819
<i>Ban</i> I	5	46	1356	2684	2797	2818
<i>Fok</i> I	5	201	1374	1555	1842	2485
<i>Mae</i> I	5	32	1010	1263	1598	2864
<i>Mae</i> II	5	266	1218	1634	2007	2327
<i>Nsp</i> I	5	17	152	519	2436	2674
<i>Rsa</i> I	5	48	323	1888	2564	3026
<i>Sec</i> I	5	41	42	675	2698	2704
Enzyme, die nicht spalten						
<i>Afl</i> II	<i>Apa</i> I	<i>Asu</i> II	<i>Avr</i> II	<i>Bal</i> I		
<i>Bbv</i> II	<i>Bcl</i> I	<i>Bgl</i> II	<i>Bsm</i> I	<i>Bsp</i> MII		
<i>Bss</i> HII	<i>Bst</i> EII	<i>Bst</i> XI	<i>Cla</i> I	<i>Dra</i> III		
<i>Eco</i> RV	<i>Eco</i> R124	<i>Esp</i> I	<i>Hpa</i> I	<i>Mlu</i> I		
<i>Nco</i> I	<i>Not</i> I	<i>Nru</i> I	<i>Nsi</i> I	<i>Pfl</i> MI		
<i>Pma</i> CI	<i>Ppu</i> MI	<i>Rsr</i> II	<i>Sac</i> II	<i>Sau</i> I		
<i>Sfi</i> I	<i>Sna</i> I	<i>Sna</i> BI	<i>Spe</i> I	<i>Sph</i> I		
<i>Stu</i> I	<i>Sty</i> I	<i>Xba</i> I	<i>Xma</i> III			

# INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No. PCT/EP 89/00026

## I. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER (if several classification symbols apply, indicate all)

According to International Patent Classification (IPC) or to both National Classification and IPC

Int.Cl<sup>4</sup> C 12 Q 1/68; C 07 H 21/00

## II. FIELDS SEARCHED

Minimum Documentation Searched <sup>7</sup>

Classification System	Classification Symbols
Int.Cl <sup>4</sup>	C 12 Q 1/00; C 07 H 21/00

Documentation Searched other than Minimum Documentation  
to the Extent that such Documents are Included in the Fields Searched <sup>8</sup>

## III. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT<sup>9</sup>

Category <sup>10</sup>	Citation of Document, <sup>11</sup> with indication, where appropriate, of the relevant passages <sup>12</sup>	Relevant to Claim No. <sup>13</sup>
L,X, P	Chemical Abstracts, volume 110, No. 5, 30 January 1989 (Columbus, Ohio, US) R. Schaefer et al.: "DNA fingerprinting using non-radioactive oligonucleotide probes specific for simple repeats", see page 159, abstract 34785q & Nucleic Acids Res. 1988, 16(19), 9344 --	1-6,8,11,14 15,19,20
L,X, P	Biological Abstracts, volume 87, 1989, H.B.J. Heiles et al.: "In situ hybridization with digoxigenin-labeled DNA of human papillomaviruses HPV 16-18 in hela and siha cells", see abstract 87049454 & Biotechniques, 1988, volume 6, No. 10, pages 978-981 --	1-6,22
L,X, P	Biological Abstracts/RRM, volume 36, 1989, S. Dooley et al.: "Rapid detection of DNA-Binding factors using protein-blotting and digoxigenin-DUTP marked probes", see abstract 36065581, & Nucleic Acids Res. 1983, volume 16, No. 24 p11839 --	1 /.

\* Special categories of cited documents: <sup>10</sup>

- "A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance
- "E" earlier document but published on or after the international filing date
- "L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)
- "O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means
- "P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention

"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step

"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.

"&" document member of the same patent family

## IV. CERTIFICATION

Date of the Actual Completion of the International Search

21 March 1989 (21.03.89)

Date of Mailing of this International Search Report

24 April 1989 (24.04.89)

International Searching Authority

EUROPEAN PATENT OFFICE

Signature of Authorized Officer

## III. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT (CONTINUED FROM THE SECOND SHEET)

Category	Citation of Document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to Claim No.
Y	EP, A, 0173251 (BOEHRINGER MANNHEIM GmbH) 5 March 1986, see the whole document cited in the application	1
A	--	2-7, 11, 15- 20
Y	EP, A, 0063879 (YALE UNIVERSITY) 3 November 1982, see the whole document cited in the application	1
A	--	8, 9, 12, 14- 17
A	Virology, volume 126, 1983, (New York, US) D.J. Brigati et al.: "Detection of viral genomes in cultured cells and paraffin- embedded tissue sections using biotin- labeled hybridization probes", pages 32- 50, see the whole document cited in the application	1, 6, 9, 15, 21, 22
A	Nucleic Acids Research, volume 13, No. 3, 1985, (London, GB) A.C. Forster et al.: "Non-radioactive hybridization probes prepared by the chemical labelling of DNA and RNA with a novel reagent, photobiotin, pages 745- 761, see the whole document cited in the application	1-6, 8-10, 12, 13, 15
	-----	

ANNEX TO THE INTERNATIONAL SEARCH REPORT  
ON INTERNATIONAL PATENT APPLICATION NO.

EP 8900026  
SA 26081

This annex lists the patent family members relating to the patent documents cited in the above-mentioned international search report. The members are as contained in the European Patent Office EDP file on 14/04/89. The European Patent Office is in no way liable for these particulars which are merely given for the purpose of information.

Patent document cited in search report	Publication date	Patent family member(s)		Publication date
EP-A- 0173251	05-03-86	DE-A-	3431536	13-03-86
		JP-A-	61060697	28-03-86
		AU-A-	4648485	06-03-86
		CA-A-	1242657	04-10-88
EP-A- 0063879	03-11-82	JP-A-	57209297	22-12-82
		AU-A-	8257382	21-10-82
		CA-A-	1219824	31-03-87
		AU-B-	560651	16-04-87
		US-A-	4711955	08-12-87
		JP-A-	63099093	30-04-88

# INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen PCT/EP 89/00026

<b>I. KLASSEKIFICATION DES ANMELDUNGSGEGENSTANDS</b> (bei mehreren Klassifikationssymbolen sind alle anzugeben) <sup>6</sup>		
Nach der Internationalen Patentklassifikation (IPC) oder nach der nationalen Klassifikation und der IPC		
Int. Cl. 4. C 12 Q 1/68; C 07 H 21/00		
<b>II. RECHERCHIERTE SACHGEBIETE</b>		
Recherchierter Mindestprüfstoff <sup>7</sup>		
Klassifikationssystem	Klassifikationssymbole	
Int. Cl. 4	C 12 Q 1/00; C 07 H 21/00	
Recherchierte nicht zum Mindestprüfstoff gehörende Veröffentlichungen, soweit diese unter die recherchierten Sachgebiete fallen <sup>8</sup>		
<b>III. EINSCHLÄGIGE VERÖFFENTLICHUNGEN<sup>9</sup></b>		
Art <sup>10</sup>	Kennzeichnung der Veröffentlichung <sup>11</sup> , soweit erforderlich unter Angabe der maßgeblichen Teile <sup>12</sup>	Betr. Anspruch Nr. <sup>13</sup>
L, X, P	Chemical Abstracts, Band 110, Nr. 5, 30. Januar 1989 (Columbus, Ohio, US) R. Schaefer et al.: "DNA fingerprinting using non-radioactive oligonucleotide probes specific for simple repeats", siehe Seite 159, Zusammenfassung 34785q & Nucleic Acids Res. 1988, 16(19), 9344 --	1-6, 8, 11, 14, 15, 19, 20
L, X, P	Biological Abstracts, vol. 87, 1989, H.B.J. Heiles et al.: "In situ hybridization with digoxigenin-labeled DNA of human papillomaviruses HPV 16-18 in hela and siha cells", siehe Zusammenfassung 87049454 & Biotechniques, 1988, vol. 6, no. 10, p. 978-981 --	1-6, 22
<p>* Besondere Kategorien von angegebenen Veröffentlichungen<sup>10</sup>;      "A" Veröffentlichung, die den allgemeinen Stand der Technik definiert, aber nicht als besonders bedeutsam anzusehen ist      "E" älteres Dokument, das jedoch erst am oder nach dem internationalen Anmeldedatum veröffentlicht worden ist      "L" Veröffentlichung, die geeignet ist, einen Prioritätsanspruch zweifelhaft erscheinen zu lassen, oder durch die das Veröffentlichungsdatum einer anderen im Recherchenbericht genannten Veröffentlichung belegt werden soll oder die aus einem anderen besonderen Grund angegeben ist (wie ausgeführt)      "O" Veröffentlichung, die sich auf eine mündliche Offenbarung, eine Benutzung, eine Ausstellung oder andere Maßnahmen bezieht      "P" Veröffentlichung, die vor dem internationalen Anmeldedatum, aber nach dem beanspruchten Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist</p> <p>"T" Spätere Veröffentlichung, die nach dem internationalen Anmeldedatum oder dem Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist und mit der Anmeldung nicht kollidiert, sondern nur zum Verständnis des der Erfindung zugrundeliegenden Prinzips oder der ihr zugrundeliegenden Theorie angegeben ist      "X" Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann nicht als neu oder auf erforderlicher Tätigkeit beruhend betrachtet werden      "Y" Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann nicht als auf erforderlicher Tätigkeit beruhend betrachtet werden, wenn die Veröffentlichung mit einer oder mehreren anderen Veröffentlichungen dieser Kategorie in Verbindung gebracht wird und diese Verbindung für einen Fachmann naheliegend ist      "&amp;" Veröffentlichung, die Mitglied derselben Patentfamilie ist</p>		
<b>IV. BESCHEINIGUNG</b>		
Datum des Abschlusses der internationalen Recherche 21. März 1989	Absendedatum des internationalen Recherchenberichts 24. 04. 89	
Internationale Recherchenbehörde Europäisches Patentamt	Unterschrift des bevoiglichten Bediensteten P.C.G. VAN DER PUTTEN	

## III. EINSCHLÄGIGE VERÖFFENTLICHUNGEN (Fortsetzung von Blatt 2)

Art	Kennzeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der maßgeblichen Teile	Betr. Anspruch Nr.
L,X	Biological Abstracts/RRM, Band 36, 1989,	
P	S. Dooley et al.: "Rapid detection of DNA-binding factors using protein-blotting and digoxigenin-DUTP marked probes", siehe Zusammenfassung 36065581 & Nucleic Acids Res. 1983, vol. 16, no. 24 p11839,	1
Y	EP, A, 0173251 (BOEHRINGER MANNHEIM GmbH) 5. März 1986, siehe das ganze Dokument (in der Anmeldung erwähnt)	1
A	--	2-7,11,15-20
Y	EP, A, 0063879 (YALE UNIVERSITY) 3 November 1982, siehe das ganze Dokument (in der Anmeldung erwähnt)	1
A	--	8,9,12,14-17
A	Virology, Band 126, 1983 (New York, US) D.J. Brigati et al.: "Detection of viral genomes in cultured cells and paraffin-embedded tissue sections using biotin-labeled hybridization probes" Seiten 32-50, siehe das ganze Dokument (in der Anmeldung erwähnt)	1,6,9,15,21,22
A	--	
A	Nucleic Acids Research, Band 13, Nr. 3, 1985, (London, GB) A.C. Forster et al.: "Non-radioactive hybridization probes prepared by the chemical labelling of DNA and RNA with a novel reagent, photobiotin", Seiten 745-761, siehe das ganze Dokument (in der Anmeldung erwähnt)	1-6,8-10, 12,13,15

ANHANG ZUM INTERNATIONALEN RECHERCHENBERICHT  
ÜBER DIE INTERNATIONALE PATENTANMELDUNG NR.

EP 8900026  
SA 26081

In diesem Anhang sind die Mitglieder der Patentfamilien der im obengenannten internationalen Recherchenbericht angeführten Patentdokumente angegeben.

Die Angaben über die Familienmitglieder entsprechen dem Stand der Datei des Europäischen Patentamts am 14/04/89.  
Diese Angaben dienen nur zur Unterrichtung und erfolgen ohne Gewähr.

Im Recherchenbericht angeführtes Patentdokument	Datum der Veröffentlichung	Mitglied(er) der Patentfamilie		Datum der Veröffentlichung
EP-A- 0173251	05-03-86	DE-A-	3431536	13-03-86
		JP-A-	61060697	28-03-86
		AU-A-	4648485	06-03-86
		CA-A-	1242657	04-10-88
EP-A- 0063879	03-11-82	JP-A-	57209297	22-12-82
		AU-A-	8257382	21-10-82
		CA-A-	1219824	31-03-87
		AU-B-	560651	16-04-87
		US-A-	4711955	08-12-87
		JP-A-	63099093	30-04-88